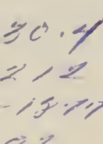


Publication 1877/F



Guide de l'amélioration génétique des porcins

3-1T
14-2R
99-1P
93-10P
29-9S
11–1R
9–9R



Canada

Les organismes suivants ont participé au financement de cette publication :
Swine Section, Animal Industry Branch, Nova Scotia Department
of Agriculture and Marketing

Guide de l'amélioration génétique des porcins

Robert M. McKay
Station de recherches
Brandon (Man.)

Agriculture Canada Publication 1877/F
On peut en obtenir des exemplaires à la
Direction générale des communications,
Agriculture Canada, Ottawa (Ont.) K1A 0C7

N° de cat. A63-1877/1992F ISBN 0-662-97191-4
Impression 1992 1.5M-06:92

Production du Service aux programmes de recherches

Also available in English under the title
Practical guide to swine breeding

Table des matières

Préface

En 1962, M. Howard Fredeen de la Station de recherches de Lacombe (Alb.) a rédigé un bulletin technique sur l'amélioration génétique des porcins (publ. 1127 d'Agriculture Canada) qui a été le seul en son genre jamais produit par Agriculture Canada. Depuis, l'amélioration génétique des porcins a connu des changements, y compris la mise sur pied du Programme d'évaluation génétique (PEG) des porcins, la mise en vigueur d'une classification des carcasses qui concerne directement l'amélioration des porcins, puis l'apparition de firmes de sélection. La présente publication développe la matière du bulletin de M. Fredeen, puisque la plupart des principes énoncés dans cette première publication restent valides aujourd'hui.

Remerciements

Je tiens à remercier Mme Sharon Ramsay, agente d'information, Mme Carol Enns, bibliothécaire, et le Dr Gunther Rahnefeld, généticien des bovins et chef de la Section de zootechnie à la Station de recherches d'Agriculture Canada à Brandon. Je tiens également à souligner la contribution de M. Gerry Bruins de la Division du bétail d'Agriculture Canada à Ottawa, de M. Ron Black de la Société canadienne d'enregistrement des animaux à Ottawa, de M. George Croome de la *Lacombe Breeders Association*, du Dr Robert J. Parker du Département de zootechnie de l'Université du Manitoba à Winnipeg et de M. Clarence Froese, directeur des ventes, Division des porcins, *Pur-A-Tone* à Niverville (Man.).

Je voudrais particulièrement remercier les personnes suivantes qui ont révisé les ébauches en les améliorant : Howard Fredeen, généticien, auparavant à la Station de recherches d'Agriculture Canada à Lacombe, Robert Parker, professeur de zootechnie à l'Université du Manitoba à Winnipeg, Rodger Johnson, professeur de zootechnie à l'Université du Nebraska à Lincoln, Bruce Allen, généticien chez *Pig Improvement Canada* d'Acme (Alb.) et M. Clarence Froese, directeur des ventes, Division des porcins de *Pur-A-Tone*, à Niverville (Man.).

Répartition des races au Canada

Pour déterminer les races prédominantes dans l'industrie canadienne des porcins, on s'est servi des enregistrements et des évaluations de performance.

Le tableau 1 donne la répartition des races. Si l'on ne tient pas compte des cochettes et des verrats commerciaux (porcins croisés ou de race pure, mais non enregistrés), les races dominantes du Canada sont le Yorkshire et le Landrace. Un deuxième groupe est constitué des races Duroc, Hampshire et Lacombe. Enfin, le dernier peloton est constitué des races restantes. L'inclusion des verrats commerciaux modifie à peine le tableau puisque ces porcs s'intègrent au deuxième peloton.

C'est chez les cochettes évaluées en élevage que l'on constate tout l'effet des porcins commerciaux. Les cochettes commerciales n'appartiennent pas seulement au premier groupe, mais elles le dominent. Leur prédominance sur les races Yorkshire et Landrace est plus forte que ne peut le montrer le tableau. De 1982 à 1988, plus de 40 % des cochettes testées en élevage étaient commerciales et, de 1986 à 1988, ce pourcentage est passé à plus de 46 %.

L'emploi accru de cochettes et de verrats croisés au cours des années 1980 provient des efforts des firmes de sélection. Grâce à leurs vastes troupeaux et à des programmes de sélection élargis, ces sociétés privées peuvent fournir des reproducteurs de qualité sur le plan génétique et sur celui de la conformation.

Tableau 1 Les enregistrements de porcs de race pure en 1970, 1974, 1977, 1980, 1983, 1986 et 1989 et les verrats évalués en station ou en élevage, ainsi que les cochettes évaluées en élevage.

Race	Enregistrements	Évalués en station	Évalués en élevage	
		Verrats	Verrats	Cochettes
	%			
Yorkshire	46,06	46,44	36,27	29,03
Landrace	28,63	29,87	26,17	20,31
Duroc	10,09	10,06	10,90	4,70
Hampshire	8,27	5,31	7,24	2,94
Lacombe	5,14	4,70	4,58	2,36
Autres races*	1,81	0,72	1,83	1,12
Porcs commerciaux	–	2,91	13,01	39,54
Nombre de porcins	162 319	52 988	422 116	977 001

* Berkshire, Chester White, Tamworth, Poland-China, Welsh, Large Black, Saddleback (British et Wessex), Spot, Piétrain, Managra, Red Wattles et Newfoundland.

Amélioration génétique

L'amélioration génétique consiste à accroître la fréquence ou le nombre de gènes recherchés à l'intérieur d'un troupeau ou d'une population, cet accroissement se traduisant par l'amélioration des performances. Chez les porcins, elle est orientée par le sélectionneur. Toutefois, la sélection n'est pas le seul moyen qui permette de modifier la fréquence génique. La migration, la mutation et la dérive génique produisent le même résultat.

Sélection

La sélection consiste à permettre à certains porcs, plutôt qu'à d'autres, de donner une progéniture nombreuse. Un troupeau est soumis à deux formes de sélection : la sélection naturelle et la sélection artificielle. La sélection naturelle favorise la survie, tandis que la sélection artificielle porte sur les caractères choisis par le sélectionneur.

Migration

Dans le contexte de l'amélioration génétique des porcins, c'est à la fois l'apport de gènes qui survient lorsque des reproducteurs sont intégrés au troupeau et la perte de gènes lorsque des porcs sont retirés du troupeau. Les reproducteurs peuvent être des cochettes et des verrats achetés ou tout simplement du sperme acheté pour servir à l'insémination artificielle.

Mutation

La mutation est une altération qui donne une nouvelle forme de gène ou allèle. Contrairement à la sélection et à la migration, qui peuvent provoquer un bouleversement dans la fréquence génique, selon la pression de la sélection et l'intensité des apports ou des retraits, les mutations ne provoquent que de légères modifications de la fréquence génique et elles échappent à la volonté du sélectionneur.

Dérive génique

La fréquence génique peut varier uniquement par l'effet du hasard, phénomène que l'on appelle dérive génique. Supposons par exemple que la fréquence de gènes dominants et de gènes récessifs sur le même locus d'un chromosome soit respectivement de 0,6 et de 0,4, dans l'ensemble de la race Yorkshire. Si un sélectionneur acquiert un troupeau de ces porcins d'un sélectionneur A, la fréquence du gène dominant pourrait être de 0,3 et celle du gène récessif de 0,7 dans ce troupeau. L'écart entre la fréquence génique du troupeau acheté et la fréquence génique de la race Yorkshire est due au hasard.

Sur les quatre façons de modifier la fréquence génique, il n'y en a que deux, la sélection et la migration, qui peuvent être effectuées par le sélectionneur.

Évaluation des performances

Évaluation des aptitudes

Au Canada, l'évaluation des porcs remonte à 1928, avec la mise sur pied de la Politique d'enregistrement supérieur des porcs de race pure. En 1934, la politique a été élargie par la mise sur pied d'un programme national d'évaluation des porcs de race pure, inspiré du système danois d'épreuves sur descendance. En 1935, le ministère de l'Agriculture du Canada a commencé à construire des stations d'évaluation dans l'ensemble du pays pour que les porcs de race soient évalués dans des conditions et sous une conduite similaires. En 1980, toutefois, H.T. Fredeen avait observé que la répartition géographique des sélectionneurs, la petite taille des troupeaux (habituellement moins de huit truies par troupeau) et la courte durée de vie des troupeaux (moins de 5 ans), de même que les difficultés inhérentes aux épreuves sur descendance, limitaient les avantages du système. Dès 1966, le programme d'épreuves sur descendance a été graduellement abandonné et remplacé par un programme d'évaluation des performances des verrats, en vigueur en 1971. Durant l'ère des évaluations de performances, la notion de station centrale d'évaluation s'est maintenue. Les évaluations de performances ont considérablement augmenté par suite :

- du programme d'évaluation en élevage, qui non seulement permettait d'évaluer des verrats supplémentaires, mais, également, autorisait l'évaluation des cochettes
- de l'admission de verrats croisés dans les stations d'évaluation et l'admission, aux évaluations en élevage, de cochettes et de verrats croisés.

En station d'évaluation, on évalue les caractéristiques suivantes :

- l'épaisseur corrigée de la bardière jusqu'à 100 kg de poids vif
- le délai corrigé pour atteindre le poids vif de 100 kg
- le gain quotidien moyen de poids au cours de l'évaluation (de 30 à 100 kg de poids vif)
- la quantité d'aliments ingérés par kilogramme de poids vif gagnés.

En élevage, on évalue toujours l'épaisseur corrigée de la bardière et le nombre de jours pour atteindre le poids vif de 100 kg, mais on englobe également le gain quotidien moyen, si les porcs ont été pesés au début de la période d'évaluation.

Afin d'évaluer les performances des porcins évalués en station ou en élevage, on a établi des indices de sélection. Ces indices permettent la sélection simultanée en fonction de plus d'un caractère, chaque caractère considéré étant pondéré.

L'indice calculé en station qui, à l'origine, englobait l'épaisseur de la bardière, le gain quotidien moyen de poids et l'efficience alimentaire, ne

retient plus que les deux premiers paramètres. L'indice calculé en élevage englobait l'épaisseur de la bardière et le nombre de jours pour atteindre le poids vif de 100 kg. En 1985, on a cessé d'utiliser les indices de sélection qui mesuraient la propre performance de l'animal (phénotype) et on s'en est servi plutôt pour mesurer la valeur génétique de l'animal en tant que reproducteur.

Un programme de mesure de la productivité des truies, actuellement évalué par Agriculture Canada (Direction générale du développement des productions animales) sera bientôt offert aux producteurs afin de les aider dans la conduite de leur troupeau de reproducteurs et dans la sélection de reproducteurs à l'intérieur de ces troupeaux.

Indice de carcasse

Cet indice, que l'on a commencé à mesurer en 1968, a également contribué de façon notable aux évaluations de performances. Jusqu'au 31 mars 1986, en vertu de ce système, les producteurs ont été payés selon l'épaisseur de la bardière et le poids de la carcasse chaude. Depuis, l'indice intègre la mesure de la noix de côte ou muscle long dorsal.

Il y a un lien étroit entre l'évaluation des performances et l'indice de carcasse. Dans les deux cas, l'épaisseur de la bardière est déterminante. Le coefficient de pondération de la bardière rapporte beaucoup plus au producteur que la noix de côte. Ainsi, le producteur qui réduit l'épaisseur de la bardière grâce aux évaluations de performances obtiendra un indice de carcasse plus élevé.

Insémination artificielle

Le principal avantage de l'emploi du sperme de verrats dont les performances ont été évaluées est que le coût des gènes de ces porcs supérieurs ne représente qu'une fraction du coût de l'achat et de l'entretien de ces animaux. Un autre avantage, qui découle du premier, est que les producteurs d'une région ont accès ainsi aux verrats d'autres régions. Même si le verrat se trouve dans un élevage ontarien, par exemple, du sperme frais peut être livré rapidement et économiquement par messager et par la voie des airs à un sélectionneur de l'Alberta, par exemple.

Sur le plan de la gestion génétique, l'insémination artificielle offre une excellente occasion d'élargir le bassin génétique du troupeau.

La principale difficulté de la technique réside dans la détection de l'œstrus (chaleurs) chez la femelle. On peut se servir d'un verrat pour déceler précisément ce phénomène, mais parfois l'animal s'accouplera à la cochette ou à la truie. Une solution de rechange consiste à utiliser un verrat vasectomisé. La vasectomisation peut être effectuée par le vétérinaire local. On vérifie le sperme pour s'assurer que le verrat n'est plus fertile.

Dossiers

La clé du programme d'amélioration génétique est peut-être le système de dossiers à conserver et à utiliser, que l'on peut subdiviser comme suit : renseignements sur les portées, sur la performance après le sevrage et sur la reproduction.

Registres sur les portées

Ils devraient identifier tous les porcelets nés, le nombre de tétines, le sexe, les dates de naissance et de sevrage ainsi que les poids à la naissance et au sevrage. Les autres données utiles au producteur sont les dates de vaccination et, s'il y a lieu, la cause et la date de la mort des porcelets. Pour identifier les porcelets, il suffit habituellement du numéro de portée, d'un numéro individuel dans la portée et d'une lettre qui désigne l'année, données essentielles pour un programme de sélection efficace. Connaissant le père et la mère, le sélectionneur peut construire l'arbre généalogique du porcelet, moyen essentiel d'évaluer la consanguinité et de trouver l'origine des anomalies et des défauts génétiques. Le nombre de tétines est enregistré pour servir après l'évaluation des performances. Après l'épaisseur de la bardière et la croissance, la sélection s'opère d'après le nombre de tétines. Ainsi, on s'assure de ne pas sélectionner par inadvertance à l'encontre du nombre de tétines. Les poids à la naissance et au sevrage donnent une indication de l'aptitude maternelle de la truie. On les obtient en additionnant le croît de chaque porcelet de la litière, de la naissance jusqu'au sevrage, et en divisant ce total par le nombre de porcelets dans la litière. Lorsque l'on compare des truies d'après l'aptitude maternelle, il faut tenir compte du nombre de porcelets allaités. Pour une truie allaitant deux porcelets, le croît de la portée devrait être supérieur au croît d'une portée de 12 porcelets. Les deux poids (à la naissance et au sevrage) donnent également une indication de la vitesse de croissance du porcelet. Le croît de la naissance au sevrage est divisé par le nombre de jours d'allaitement. Si le sélectionneur ne pèse pas les porcelets à la naissance, il peut estimer l'aptitude maternelle en additionnant les poids au sevrage de tous les porcelets de la portée. La croissance des porcelets peut également être estimée par division du poids au sevrage par le nombre de jours d'allaitement. Le calcul des valeurs réelles ou approximatives fournira les renseignements nécessaires à la comparaison des porcelets ou des truies, à la condition que ces animaux soient évalués de la même façon et dans des conditions semblables d'ambiance et de conduite de l'élevage. Comme exemple de ce calcul, considérons une portée née à la Station de recherches d'Agriculture Canada à Brandon (Man.), en 1990, à la lumière des chiffres du tableau 2.

La principale utilité des registres est de permettre la sélection et l'élimination génétiques des porcs exceptionnels et insatisfaisants, respectivement. Ces renseignements peuvent également servir en vue de la mise en parquet. En effet, le sélectionneur peut grouper dans la même case, s'il connaît les poids au sevrage et le croît réel ou approximatif, les

porcs dont la vitesse de croissance est semblable. S'il manque de place pour la croissance–engraissement ou s'il ne peut mener la croissance à son terme, ces chiffres peuvent l'aider à choisir les verrats à garder et les verrats à vendre ou à castrer.

Tableau 2 Registre de la portée 252

N⁰ du porcelet	Sexe	Nbre de tétines	Poids: À la naissance (kg)	Poids: Au sevrage[b] (kg)	Croît réel: Croît total (kg)	Croît réel: Croît quotidien (kg)	Croît quotidien approximatif (kg)
252-1Z[a]	♂	14	1,0	7,3	6,3	0,18	0,21
252-2Z	♂	14	1,1	8,5	7,4	0,21	0,24
252-3Z	♂	13	1,1	8,1	7,0	0,20	0,23
252-4Z	♂	13	1,3	10,3	9,0	0,26	0,29
252-5Z	♀	15	1,2	10,0	8,8	0,25	0,29
252-6Z	♀	13	1,2	8,5	7,3	0,21	0,24
252-7Z	♀	15	1,3	9,8	8,5	0,24	0,28
252-8Z	♀	14	1,1	8,8	7,7	0,22	0,25
252-9Z	♀	14	1,3	7,8	6,5	0,19	0,22
252-10Z	♀	15	0,9	8,2	7,3	0,21	0,23
Total				87,3	75,8		
Moyenne				8,73	7,58		

[a] 252-1Z désigne le premier porcelet de la litière 252, né en 1970 (année désignée par la lettre Z).
[b] Les porcelets ont été sevrés à 35 jours.

La mesure de l'aptitude maternelle ainsi que la taille de la portée au sevrage peuvent servir à l'élimination génétique des truies. Prenons l'exemple des six truies dont il est question au tableau 3.

Tableau 3 Performances de truies

Truie	Nbre de porcelets sevrés	Aptitude maternelle: Réelle	Aptitude maternelle: Approximative
13-4Y	5	9,04	10,52
59-8Y	11	6,81	8,18
69-6Y	10	7,58	8,73
78-6Y	9	8,94	10,29
95-6Y	8	6,16	7,28
112-7Y	8	9,46	10,94

De ce tableau, il est évident que le classement des truies différerait selon que l'on tiendrait compte du nombre de porcelets sevrés ou de l'aptitude maternelle. Par exemple, si l'on s'arrête à la taille de la portée sevrée, les trois meilleures truies sont les truies 59-8Y, 69-6Y et 78-6Y, tandis que les trois meilleures truies quant à l'aptitude maternelle sont les 112-7Y, 13-4Y et 78-6Y. Un producteur industriel éliminerait probablement la truie 13-4Y, parce que le nombre de porcelets au sevrage est vital pour la survie économique de l'entreprise. Un sélectionneur éliminerait également la même truie, pour les mêmes raisons, mais il peut décider d'éliminer plutôt la truie 95-6Y à cause de sa faible aptitude maternelle. Il n'y a pas de solution tranchée qui s'applique à ces six truies. Des sélectionneurs ou des producteurs prendraient des décisions différentes. Un autre facteur dont il faut tenir compte est le nombre de portées que les truies ont eues. Les truies qui donnent constamment de grosses portées dont la croissance est supérieure à la moyenne devraient être gardées. Toutefois, sans dossier bien tenu, le sélectionneur ou le producteur industriel ne peuvent prendre de décision éclairée.

Registres des performances après le sevrage

Dans ces registres, on indique l'épaisseur mesurée de la bardière et le nombre de jours qu'il a fallu pour atteindre le poids de 100 kg. Ces données servent au calcul de l'indice de sélection. La sélection fondée sur l'indice de sélection est une notion tout à fait simple : les sujets qui possèdent l'indice le plus élevé sont les meilleurs. Toutefois, que fait le sélectionneur qui ne peut conserver qu'un seul de deux porcs de même indice? C'est là qu'intervient le nombre de tétines. Par exemple, l'indice de sélection de deux verrats est de 135; A possède 12 tétines et B, 15 : B sera sélectionné, à cause de ses trois tétines supplémentaires. Il va sans dire que tout porc sélectionné doit être bien conformé et ne présenter aucun défaut visible qui justifierait son rejet. Entre deux verrats possédant le même indice et le même nombre de tétines, la sélection se fonde sur la conformation.

Registres de reproduction

Ces registres montrent les performances des verrats et des cochettes ou des truies durant la saison de reproduction. Ils englobent :
- le pourcentage de truies fécondées par le verrat
- le nombre d'inséminations par conception
- le taux de conception des truies au premier, au deuxième ou au troisième œstrus
- le nombre de porcelets nés vivants
- le nombre de porcelets sevrés
- l'intervalle entre le sevrage et l'accouplement
- l'aptitude maternelle (déjà décrite)

- l'état de la truie
- le nombre de porcelets morts-nés, nécrotiques et difformes.

La performance à l'égard de chacune de ces caractéristiques détermine la durée de la conservation de chaque truie dans le troupeau de reproducteurs. Les verrats incapables de procréer valent peu dans un troupeau de reproducteurs ou sur le marché. Faute de ces registres, les verrats et les truies médiocres restent dans le troupeau. Si leurs performances inférieures sont d'origine génétique, leur conservation propage leurs gènes dans le troupeau.

Méthodes de sélection

Chez le porc, la sélection s'applique rarement à des caractères déterminés par une seule paire de gènes en un locus précis d'un chromosome. Fait exception la sélection à l'encontre de défauts génétiques. Les caractères d'importance économique tels que l'épaisseur de la bardière, la vitesse de croissance, la taille des portées et la qualité de la carcasse sont quantitatifs, déterminés par plusieurs paires de gènes. Chaque paire contribue à l'expression du caractère. Comme le nombre de paires est élevé, l'écart entre les valeurs du caractère est grand. Pour montrer comment le nombre de paires de gènes peut se traduire par une variété de combinaisons de paires, prenons des caractères déterminés par des paires de gènes. Supposons que chaque paire peut se présenter sous trois génotypes possibles (c'est-à-dire AA, Aa et aa). Pour chaque paire, trois combinaisons sont possibles, mais pour deux paires, le nombre de combinaisons est de trois fois trois, soit neuf. Selon ce même calcul, le nombre total de combinaisons pour un nombre donné de paires se présente comme suit :

Nombre de paires de gènes	*Nombre de combinaisons possibles*
1	3
2	9
3	27
4	81
5	243
10	59 049
15	14 348 907
20	3 486 784 401
25	847 288 609 443

À cause du nombre considérable de combinaisons possibles de paires de gènes et du grand écart entre les valeurs que ces combinaisons produisent, le sélectionneur doit utiliser différentes techniques afin d'améliorer son troupeau.

Au moins deux caractères, c'est-à-dire l'épaisseur de la bardière et la vitesse de croissance, sont d'importance économique. Pour améliorer

plus d'un caractère, le sélectionneur peut choisir entre les trois méthodes suivantes :

- la méthode du tandem
- les niveaux de rejet indépendants
- l'indice de sélection.

La méthode du tandem

C'est la méthode la plus facile à appliquer. On sélectionne les animaux en fonction d'un caractère à la fois. Dès que l'on atteint le degré recherché de performances pour le premier caractère, on passe au second caractère. La méthode est efficace si les caractères sont soit bien liés, soit complètement indépendants. Si les caractères ne sont pas bien liés, le plan de sélection peut être inefficace. L'épaisseur de la bardière et la vitesse de croissance sont des exemples d'association inappropriée. Si on sélectionnait les sujets uniquement d'après l'épaisseur de la bardière, on observerait un ralentissement de la croissance. Réciproquement, si la sélection portait sur la vitesse de croissance, l'épaisseur de la bardière augmenterait.

Niveaux de rejet indépendants

On fixe des normes pour chacun des caractères sélectionnés, puis la sélection se limite aux sujets qui satisfont aux normes de chaque caractère. Le tableau 4 montre comment la méthode fonctionne en trois étapes faciles.

Étape 1 Fixation des normes. Pour l'épaisseur de la bardière, sélectionner en vue d'une épaisseur inférieure à 14,0 mm. Pour le délai d'atteinte du poids de 90 kg, sélectionner pour un délai inférieur à 170 jours.

Étape 2 Reconnaître les cochettes qui satisfont à la norme de l'épaisseur de la bardière (voir colonne 4 du tableau 4).

Étape 3 Chez les cochettes qui satisfont à la norme d'épaisseur de la bardière, identifier celles qui satisfont au délai d'atteinte du poids de 90 kg (voir colonne 5 du tableau 4).

Tableau 4 Niveaux de rejet indépendants pour 33 cochettes Hampshire dont on a mesuré l'épaisseur de la bardière

Cochette	ÉB[a] (mm)	Jours[b]	ÉB acceptable (étape 2) (mm)	Délai acceptable (étape 3)
251-4Z	13,6	175	13,6	rejet
251-5Z	14,1	166	rejet	
251-6Z	15,4	160	rejet	
258-4Z	10,6	182	10,6	rejet
258-5Z	10,6	183	10,6	rejet
258-7Z	12,5	177	12,5	rejet
269-6Z	14,1	164	rejet	
269-8Z	15,3	161	rejet	
293-5Z[c]	13,0	168	13,0	168
293-6Z	13,8	173	13,8	rejet
314-7Z	14,2	175	rejet	
314-8Z	11,5	157	11,5	157
314-9Z	14,6	176	rejet	
335-5Z	15,1	161	rejet	
335-6Z	15,5	174	rejet	
342-6Z	13,7	160	13,7	160
342-9Z	13,4	157	13,4	157
342-10Z	13,0	160	13,0	160
353-8Z	13,1	162	13,1	162
365-6Z	14,1	162	rejet	
365-7Z	14,3	155	rejet	
365-9Z	14,3	158	rejet	
365-10Z	14,3	153	rejet	
371-7Z	13,5	167	13,5	167
371-9Z	13,6	169	13,6	169
378-5Z	16,0	161	rejet	
378-8Z	13,9	166	13,9	166
378-10Z	16,0	156	rejet	
378-11Z	15,4	167	rejet	
392-6Z	11,8	158	11,8	158
394-9Z	14,6	164	rejet	
395-6Z	14,2	154	rejet	
395-7Z	14,3	152	rejet	

[a] ÉB : Épaisseur de la bardière.
[b] Nombre de jours pour atteindre 90 kg.
[c] Les 10 cochettes sélectionnées par les niveaux indépendants de rejet sont en caractères gras.
Nota : Les deux paramètres sont corrigés à 90 kg.

Par conséquent, sur les 33 cochettes, 10 uniquement ont satisfait aux normes d'épaisseur de la bardière et du délai d'atteinte du poids de 90 kg.

L'emploi des niveaux de rejet indépendants est facile, ayant l'avantage de pouvoir être utilisé à diverses étapes de la croissance. Par exemple, le sélectionneur pourrait imposer un poids minimal au sevrage pour les verrats, puis appliquer des normes pour l'épaisseur de la bardière et le délai d'atteinte du poids de 90 kg. Toutefois, les niveaux indépendants de rejet souffrent de deux grands inconvénients :

- les porcins dont un ou plusieurs caractères sont satisfaisants peuvent être éliminés en raison d'un caractère moins performant
- à mesure que les performances des troupeaux changent, pour des raisons génétiques ou environnementales, les sélectionneurs doivent arbitrairement corriger les niveaux de rejet.

Indice de sélection

L'indice de sélection répond aux deux inconvénients relevés à l'égard des niveaux indépendants de rejet. Il permet d'améliorer très rapidement les caractères en effectuant la sélection sur les deux en même temps. L'indice représente la valeur totale, ce qui permet au sélectionneur de classer les sujets dans l'ordre décroissant de valeur : chose presque impossible à faire à partir des niveaux indépendants de rejet.

Même s'il n'est plus utilisé, le vieil indice de performance évalué en élevage montre comment fonctionne l'indice de sélection.

$$\text{Indice} = 100 - 17{,}68[(\acute{E}B - \overline{\acute{E}B})/s_{\acute{E}B}] - 17{,}68[(J - \overline{J})/s_J]$$

où

$\acute{E}B$ = épaisseur de la bardière, corrigée à 90 kg, de chaque porc

$\overline{\acute{E}B}$ = épaisseur moyenne de la bardière, corrigée à 90 kg, de tous les porcs du troupeau qui appartiennent à la même race ou croisement et au même sexe

$s_{\acute{E}B}$ = écart type de l'épaisseur de la bardière, corrigée à 90 kg, pour tous les porcs du troupeau qui appartiennent à la même race ou croisement et sexe, l'écart type étant une mesure de la variation de l'épaisseur de la bardière

J = nombre corrigé de jours pour atteindre, chez le porc considéré, le poids de 90 kg

$\overline{J}$ = le délai moyen corrigé de l'atteinte du poids de 90 kg chez tous les porcs du troupeau qui appartiennent à la même race ou croisement et sexe

s_J = l'écart type du nombre corrigé de jours pour atteindre le poids de 90 kg, chez tous les porcs du troupeau qui appartiennent à la même race ou croisement et sexe, l'écart type étant une mesure de la variation du délai qui est pris pour atteindre ce poids

17,68 = coefficient de pondération de chaque caractère, qui assure un grand écart entre les indices afin de faciliter la sélection

100 = indice des animaux du troupeau dont la valeur est moyenne.

Les porcs dont l'indice est supérieur à 100 sont meilleurs que la moyenne du troupeau; ceux dont l'indice est inférieur à 100 sont inférieurs à la moyenne. Ainsi, dans la sélection des verrats et des cochettes, on retient les sujets dont l'indice est supérieur à 100. S'il faut retenir des sujets dont l'indice est inférieur à 100, le choix se porte sur ceux dont l'indice se rapproche le plus de ce chiffre.

Pour calculer l'indice du même groupe des 33 cochettes Hampshire du tableau 4, la moyenne et l'écart type de l'épaisseur corrigée de la bardière ainsi que du délai pour atteindre un poids de 90 kg sont les suivants :

	ÉB (mm)	*Jours*
Moyenne	13,9	164,5
Écart type	1,34	8,36

Voici deux exemples de calculs de l'indice :

Exemple 1 Cochette 314-8Z (11,5 mm et 157 jours)

Indice = 100 – 17,68 [(11,5 – 13,9)/1,34] – 17,68 [(157 – 164,5)/8,36]
= 100 + 31,7 + 15,9
= 147,6

Exemple 2 Cochette 251-4Z (13,6 mm et 175 jours)

Indice = 100 – 17,68 [(13,6 – 13,9)/1,34] – 17,68 [(175 – 164,5)/8,36]
= 100 + 4,0 – 22,2
= 81,8

Lorsque l'épaisseur de la bardière d'une cochette ou le délai pour atteindre 90 kg sont inférieurs à la moyenne, l'indice augmente. Réciproquement, lorsque l'épaisseur de la bardière ou le nombre de jours pour atteindre 90 kg sont supérieurs à la moyenne, l'indice diminue. Les indices des 33 cochettes sont donnés au tableau 5.

Tableau 5 Classement décroissant des indices des 33 cochettes Hampshire du tableau 4

Cochette	Indice	Rang	Cochette	Indice	Rang
314-8Z[a]	147,5	1	**378-8Z**	96,8	18
392-6Z	141,5	2	**371-9Z**	94,4	19
342-9Z	122,5	3	251-5Z	94,2	20
342-10Z	121,4	4	258-7Z	92,0	21
395-7Z	121,2	5	394-9Z	91,8	22
365-10Z	119,0	6	335-5Z	91,6	23
395-6Z	118,2	7	378-10Z	90,3	24
353-8Z	115,8	8	251-6Z	89,7	25
365-7Z	114,8	9	269-8Z	88,9	26
342-6Z	112,2	10	293-6Z	83,3	27
365-9Z	108,5	11	251-4Z	81,8	28
258-4Z	106,5	12	378-5Z	79,7	29
293-5Z	104,5	13	378-11Z	74,9	30
258-5Z	104,4	14	314-7Z	73,8	31
365-6Z	102,6	15	314-9Z	66,4	32
371-7Z	100,0	16	335-6Z	58,8	33
269-6Z	98,4	17			

[a] Les 10 cochettes sélectionnées par les niveaux indépendants de rejet sont en caractères gras.

L'un des grands malentendus au sujet des indices de sélection concerne la pondération des caractères. Les coefficients de pondération qui servent au calcul des indices ne sont pas fixes; leur modification a un but précis. Prenons l'exemple des 33 cochettes Hampshire. S'il était plus important de réduire le délai d'atteinte du poids de 90 kg que de réduire l'épaisseur de la bardière, la meilleure solution serait de modifier les coefficients de pondération relative. On peut être tenté de négliger complètement l'épaisseur de la bardière et de n'effectuer la sélection qu'à partir du nombre de jours pour atteindre 90 kg. Mais comme la corrélation entre les deux caractères est négative ou défavorable, la réduction du délai d'atteinte du poids de 90 kg augmente l'épaisseur de la bardière. Quand le coefficient de pondération du délai d'obtention du poids de 90 kg augmente, cela permet d'insister davantage sur les caractères sans négliger complètement l'épaisseur de la bardière. À noter que si le coefficient de pondération d'un caractère est augmenté par rapport au coefficient de pondération de l'autre caractère, la pression de la sélection à l'égard de chaque caractère est modifiée en conséquence. Voici comment la modification des coefficients de pondération relative se répercute sur les indices (trois exemples) :

A = coefficient identique pour les deux caractères
Coefficients : bardière = 17,68
Délai pour 90 kg = 17,68

B = deux fois plus d'importance accordée au délai d'obtention de 90 kg qu'à l'épaisseur de la bardière
Coefficients : bardière = 17,68
Délai pour 90 kg = 35,36

C = trois fois plus d'importance accordée au délai d'obtention de 90 kg qu'à l'épaisseur de la bardière
Coefficients : bardière = 17,68
Délai pour 90 kg = 53,04.

Les indices calculés augmentent du fait de la pondération plus grande accordée au délai d'obtention de 90 kg. Fait remarquable, le classement des 33 cochettes selon les trois pondérations est modifié (tableau 6).

À l'exception de celui des cochettes 314-8Z (rang 1) et 342-6Z (rang 10), le rang de toutes les autres a été modifié, vers le haut ou vers le bas, selon l'indice utilisé. La pondération plus grande accordée au nombre de jours pour atteindre le poids de 90 kg, relativement à celle de la bardière modifie la pression de sélection pour chaque caractère. La différentielle de sélection, c'est-à-dire la différence de valeur entre la performance moyenne des animaux retenus par la sélection et la moyenne de la population, permet de mesurer cet effet. Parce que l'on recherche une bardière mince ainsi que l'atteinte rapide du poids de 90 kg, la différentielle de sélection de chaque caractère sera négative dans les deux cas. Plus le nombre négatif sera élevé (c'est-à-dire par exemple −3 comparativement à −1,5) plus la pression de sélection sera élevée. Pour calculer les différentielles de sélection, il faut que des animaux soient sélectionnés. Prenons l'exemple des 15 premières cochettes Hampshire sélectionnées en vertu de chaque indice. Pour l'indice A, voici un exemple de calcul de deux différentielles de sélection (df) :

Moyenne des cochettes retenues par la sélection :
Épaisseur de la bardière = 13,1
Nombre de jours pour atteindre 90 kg = 161,4

Moyenne de toutes les cochettes :
Épaisseur de la bardière = 13,9
Nombre de jours pour atteindre 90 kg = 164,5

df *ÉB* = 13,1 − 13,09 = −0,8 mm
df J = 161,4 − 164,5 = −3,1 jours

Les différentielles de sélection des trois indices sont les suivantes :

Indice	*ÉB (mm)*	*Jours*
A	−0,8	−3,1
B	−0,1	−6,6
C	0,0	−6,8

Ainsi, si l'on majore la pondération du nombre de jours pour atteindre 90 kg par rapport à la pondération de l'épaisseur de la bardière, la pression de la sélection exercée sur le premier paramètre augmente tandis que la pression de sélection sur l'épaisseur de la bardière diminue.

Tableau 6 Comparaison du rang des 33 cochettes selon trois indices

	Rangs selon les indices				Rangs selon les indices		
Cochettes	A	B	C	Cochettes	A	B	C
314-8Z	1	1	1	378-8Z	18	20	20
392-6Z	2	2	3	371-9Z	19	24	24
342-9Z	3	6	7	251-5Z	20	22	23
342-10Z	4	8	8	258-7Z	21	27	27
395-7Z	5	3	2	394-9Z	22	21	19
365-10Z	6	4	4	335-5Z	23	16	15
395-6Z	7	5	5	378-10Z	24	12	12
353-8Z	8	11	11	251-6Z	25	15	14
365-7Z	9	7	6	269-8Z	26	18	16
342-6Z	10	10	10	293-6Z	27	28	26
365-9Z	11	9	9	251-4Z	28	30	28
258-4Z	12	26	29	378-5Z	29	23	18
293-5Z	13	17	21	378-11Z	30	25	25
258-5Z	14	29	31	314-7Z	31	31	30
365-6Z	15	13	13	314-9Z	32	32	33
371-7Z	16	19	22	335-6Z	33	33	32
269-6Z	17	14	17				

Indice de sélection fondé sur la valeur d'élevage estimée

En 1985, l'indice de sélection fondé sur les mesures réelles de l'épaisseur de la bardière et du nombre de jours pour atteindre 90 kg a été remplacé par un indice fondé sur les valeurs d'élevage estimées (VÉE) des deux caractères. L'équation décrivant le nouvel indice de sélection est comme suit :

$$I = 100 - 17{,}68\,(VÉE_{ÉB}/s_{VÉEÉB}) - 17{,}68\,(VÉE_{J}/s_{VÉEJ})$$

où :

$VÉE_{ÉB}$	=	la valeur d'élevage estimée de l'épaisseur de la bardière
$s_{VÉEÉB}$	=	l'écart type de la valeur d'élevage estimée de l'épaisseur de la bardière
$VÉE_{J}$	=	la valeur d'élevage estimée du nombre de jours pour atteindre 90 kg
$s_{VÉEJ}$	=	l'écart type de la valeur d'élevage estimée du nombre de jours pour atteindre 90 kg
17,68	=	le coefficient de pondération de chaque caractère qui donne un grand écart entre les indices afin de faciliter la sélection
100	=	l'indice des animaux du troupeau qui se situent dans la moyenne.

Les valeurs d'élevage estimées se fondent sur l'épaisseur de la bardière ainsi que sur le nombre de jours pour atteindre 90 kg, pour chaque animal, de même que sur d'autres renseignements qui englobent les paramètres suivants :

- l'héritabilité ou le degré de transmission de chaque caractère selon les lois de l'hérédité
- l'épaisseur de la bardière et le nombre de jours pour atteindre 90 kg de tous les porcins apparentés aux sujets (c'est-à-dire le père, la mère, les grands-parents, les frères et les sœurs, etc.)
- la valeur génétique du troupeau
- toute variation génétique survenue dans le troupeau dans une région donnée du pays (c'est-à-dire dans l'Ouest, en Ontario, au Québec et dans les provinces de l'Atlantique). L'exactitude de la valeur d'élevage estimée d'un porc dépend de la quantité des renseignements disponibles sur sa parenté. Plus on dispose de renseignements, plus la valeur d'élevage estimée sera exacte. Cette exactitude est appelée répétabilité de la valeur d'élevage estimée.

Pour calculer l'indice de sélection fondé sur la valeur d'élevage estimée, il faut connaître l'écart type des valeurs d'élevage estimées pour l'épaisseur de la bardière et pour le délai nécessaire avant d'atteindre le poids de 90 kg. Pour l'Ontario, ces paramètres valent respectivement 1,1 et 3,9. Ainsi, les indices de deux porcs ontariens (A et B), par exemple, dont la valeur d'élevage estimée est de 2,2 et de 2,1 quant à l'épaisseur de la bardière et de 21,2 et de 20,4 quant au nombre de jours pour atteindre 90 kg, respectivement, se calculent comme suit :

$$\begin{aligned} I_A &= 100 - 17{,}68(-2{,}2/1{,}1) - 17{,}68(-21{,}2/3{,}9) \\ &= 100 + 35{,}4 + 96{,}1 \\ &= 231{,}5 \end{aligned}$$

$$
\begin{aligned}
I_B &= 100 - 17{,}68(-2{,}2/1{,}1) - 17{,}68(-20{,}4/3{,}9) \\
&= 100 + 33{,}7 + 92{,}5 \\
&= 226{,}2
\end{aligned}
$$

La sélection de verrats au moyen d'indices fondés sur la valeur d'élevage estimée ne diffère pas de la sélection au moyen d'un indice fondé sur la mesure réelle de l'épaisseur de la bardière ainsi que du nombre de jours pour atteindre 90 kg. Plus l'indice est élevé, plus l'on s'attend à ce que l'animal soit meilleur. Ainsi, pour reprendre l'exemple des porcs ontariens, A serait classé supérieur (I_A = 231,5) à B (I_B = 226,2). Les pondérations relatives des deux caractères peuvent être modifiées, pour que l'on insiste davantage sur l'un ou l'autre caractère. Il suffit que le sélectionneur possède les écarts types de la valeur d'élevage estimée pour la région, que l'on peut obtenir auprès de :

Agriculture Canada
Direction générale du développement des productions animales
Immeuble Sir John Carling
Ottawa (Ont.) K1A 0C5

Un motif de préoccupation que l'on peut formuler à l'égard des valeurs d'élevage estimées c'est que ces dernières n'ont été évaluées que par simulation sur ordinateur (c'est-à-dire évaluation d'un programme par un autre programme). Selon ces évaluations, les valeurs d'élevage estimées se sont révélées meilleures que la sélection fondée sur des mesures réelles des deux paramètres. Toutefois, tant que l'on n'aura pas examiné cette façon de procéder au moyen d'une population réelle (de porcs ou de souris) dans des conditions contrôlées, ce motif de préoccupation persistera.

Programme pour la conduite des truies et l'augmentation de leur productivité

L'objet de ce nouveau programme informatique est de fournir aux sélectionneurs, tant d'animaux de race que d'animaux commerciaux, un système de tenue de registres sur la productivité des truies. Les données recueillies orienteront les sélectionneurs dans l'amélioration de la conduite des truies ainsi que dans l'intensification de la sélection des caractères de reproduction. Ce corpus de données constituera un ensemble que l'on pourra consulter pour évaluer la productivité des truies au Canada. Des données en ce sens ont été recueillies pendant plusieurs années, mais le programme ajoute à cela le calcul des valeurs d'élevage estimées de ces caractères. La méthode de calcul de ces valeurs est actuellement évaluée par Agriculture Canada (Direction générale du développement des productions animales) et elle devrait être complètement opérationnelle dans un proche avenir.

Croisements

Avant d'examiner le caractère pratique des systèmes de croisement, il importe d'examiner la notion de croisement. En termes simples, le croisement est l'accouplement d'animaux de deux races différentes. Les principaux motifs qui justifient le croisement sont :

- l'effet avantageux de l'hétérosis ou vigueur hybride
- la combinaison des caractéristiques recherchées de deux ou plusieurs races.

La vigueur hybride est la différence observée entre les performances de la progéniture et la performance moyenne des races parentales. Soit le croisement de verrats de la race A avec des truies de la race B. Supposons que la taille moyenne des portées ainsi que le poids moyen des porcelets au sevrage des races A, B et AB soient les suivants :

Race ou croisement	*Taille de la portée*	*Poids au sevrage (kg)*
A	10,2	6,6
B	9,0	9,0
AB	10,0	8,0

La moyenne des races parentales (A et B) est de 9,6 pour la taille de la portée et de 7,8 kg pour le poids au sevrage. Il s'ensuit que, effectivement, l'hétérosis pour la taille de la portée est de 0,4 porcelet et de 0,2 kg pour le poids au sevrage. En pourcentage, l'hétérosis représente 4,2 % de la taille de la portée et 2,6 % du poids au sevrage. Le taux d'hétérosis exprime de fait l'hétérosis comme un pourcentage par rapport à la moyenne des parents. L'exemple divulgue également les deux motifs qui président aux croisements :

- améliorer la performance grâce à l'hétérosis
- combiner la taille de la portée de la race A avec le poids plus élevé au sevrage de la race B.

Les principaux avantages de l'hétérosis touchent les caractères vraiment héritables, ceux qui se rattachent à la reproduction et à la condition physique. Plus loin, sous la rubrique CONSANGUINITÉ, on apprendra que la dépression de consanguinité est maximale pour les mêmes types de caractères. De fait, l'hétérosis et la consanguinité sont les opposés exacts. L'hétérosis diminue l'homozygotie (l'état où tous les gènes sur tous les locus chromosomiques sont identiques) et il augmente l'hétérozygotie (l'état où les gènes sur tous les locus sont différents), tandis que la consanguinité augmente l'homozygotie et diminue l'hétérozygotie. L'hétérosis peut s'exprimer sur deux plans : individuel et maternel. L'hétérosis individuel se manifeste par la vigueur plus grande et la mortalité réduite des porcelets issus du croisement; l'hétérosis maternel se traduit par l'augmentation de la performance de la portée des truies issues d'un croisement. Le tableau 7 dégage les circonstances où ces formes d'hétérosis se manifesteraient.

Tableau 7 Expression de l'hétérosis

		Hétérosis	
Père[a]	Mère	individuel	maternel
Y	Y	non	non
Y	L	oui	non
H	YL	oui	oui
DH	Y	oui	non

[a] Y, Yorkshire; L, Landrace; H, Hampshire; D, Duroc.

Faisant le survol des croisements expérimentaux effectués aux États-Unis et au Canada, M. Rodger Johnson de l'Université du Nebraska à Lincoln a résumé les taux d'hétérosis individuel et maternel pour tous les croisements étudiés en regard de plusieurs caractères (tableau 8).

Tableau 8 Estimations de l'hétérosis individuel et maternel

	Taux d'hétérosis (%)	
Caractère	individuel	maternel
Taux d'ovulation	0,3	–
Taux de conception	3,8	–
Taille de la portée		
à la naissance	1,0	4,7
à 21 jours	8,0	8,7
au sevrage	10,1	7,7
Poids des porcelets		
à la naissance	3,1	1,5
à 21 jours	3,1	3,7
au sevrage	4,8	8,2
Après le sevrage		
croît quotidien	9,4	0,0
efficience alimentaire	2,3	0,0
Âge à 100 kg	6,5	1,2
Longueur de la carcasse	0,0	0,2
Épaisseur de la bardière	2,5	4,4
Superficie du long dorsal	1,8	0,4

Source : D'après Johnson, R.K. 1980. *Heterosis and breed effects in swine*. North Central Regional Publication No. 262.

On peut choisir entre deux grands types de croisements : les croisements terminaux et les croisements rotatifs. Ces croisements se distinguent principalement en ce que :

- toute la progéniture des croisements terminaux est destinée à l'abattage
- les croisements terminaux permettent également de maximiser l'hétérosis individuel (sauf le rétrocroisement) et maternel (sauf le croisement simple).

Croisements terminaux

On en compte quatre variantes : le croisement simple, le croisement de retour (ou rétrocroisement), le croisement triple et le croisement quadruple.

Croisement simple

Ce croisement, qui donne des porcs F_1, est à la base de tous les systèmes de croisement, qu'ils soient terminaux ou rotatifs.

Race du père	×	*Race de la mère*	*Composition génétique de la progéniture* (F_1)
A	×	B	50 % A, 50 % B

Avantages

- Hétérosis individuel de 100 % dans le troupeau de porcelets.
- Une fois les deux races sélectionnées, le programme de sélection est tout à fait simple.

Inconvénients

- Hétérosis maternel nul dans le troupeau, les truies étant toutes de race pure.
- Les producteurs doivent acheter des cochettes de relève et s'en remettre à un programme d'amélioration d'un tiers pour produire des cochettes de qualité.

Rétrocroisement

Les porcelets croisés sont le résultat de deux croisements (A × B, pour donner des cochettes AB; puis A × AB, ce qui donne 75 % de A, 25 % de B ou porcelets de croisement de retour).

Race du père	×	*Race de la mère*		*Composition génétique de la progéniture* (rétrocroisement)
A	×	AB		75 % A, 25 % B
			ou	
A	×	AB		25 % A, 75 % B

Avantages

- 100 % d'hétérosis maternel.
- 50 % d'hétérosis individuel chez les porcelets.

Inconvénients

- Dans le troupeau, l'hétérosis individuel des porcelets est diminué de 50 %.
- Les producteurs doivent acheter des cochettes de relève et s'en remettre au programme d'amélioration d'un tiers pour obtenir des cochettes de qualité.

Croisement triple

Ce croisement utilise une race de bonne carcasse (race C) accouplée à une femelle croisée exceptionnelle quant à la reproduction.

Race du père	×	*Race de la mère*	*Composition génétique de la progéniture*
C	×	AB	50 % C, 25 % A, 25 % (industriels)

Avantages

- Hétérosis maternel de 100 %.
- Hétérosis individuel de 100 %.

Inconvénient

- Les producteurs doivent acheter des cochettes de relève et s'en remettre au programme d'amélioration d'un tiers pour obtenir des cochettes de qualité.

Croisement quadruple

Ce croisement utilise deux races qui donnent une bonne carcasse (races C et D) que l'on accouple avec une femelle croisée, exceptionnelle quant à la reproduction.

Race du père	×	Race de la mère	Composition génétique de la progéniture
CD	×	AB	25 % C, 25 % D, 25 % A, 25 % B (industriels)

Avantages

- Hétérosis maternel de 100 %.
- Hétérosis individuel de 100 %.
- Hétérosis paternel de 100 % en ce qui concerne la libido et la fertilité.

Inconvénient

- Les producteurs doivent acheter des cochettes de relève et s'en remettre au programme d'amélioration d'un tiers pour obtenir des cochettes de qualité.

Croisements rotatifs

On compte deux grands schémas de croisement rotatif : le croisement à deux races ou alternatif et le croisement à trois races.

Croisement rotatif à deux races (ou alternatif)

Année	Race (croisement) du père	×	de la mère	Composition génétique de la progéniture	
1	A	×	B	50 % A, 50 % B	(1)
2	B	×	(1)	25 % A, 75 % B	(2)
3	A	×	(2)	62,5 % A, 37,5 % B	(3)
4	B	×	(3)	31,25 % A, 68,75 % B	(4)
5	A	×	(4)	65,625 % A, 34,375 % B	(5)

Après quelques années de plus, la composition de la descendance se stabilise comme suit : deux tiers (67 %) race du père; tiers (33 %) autre race.

Avantages

- Dans le troupeau, l'hétérosis maternel et individuel est de 67 %.
- Les femelles de relève sont produites et non pas achetées.
- Les producteurs doivent tenir un registre rigoureux afin de pouvoir conserver trace de la race des pères à utiliser.

Inconvénient

- Le troupeau perd 33 % de l'hétérosis individuel et maternel.

Croisement rotatif à trois races

Année	*Race (croisement) du père*	*× de la mère*	*Composition génétique de la progéniture*	
1	A	× B	50 % A, 50 % B	(1)
2	C	× (1)	50 % C, 25 % A, 25 % B	(2)
3	A	× (2)	25 % C, 62,5 % A, 12,5 % B	(3)
4	B	× (3)	12,5 % C, 31,25 % A, 56,25 % B	(4)
5	C	× (4)	56,25 % C, 15,625 % A, 28,125 % B	(5)
6	A	× (5)	28,125 % C, 57,8125 % A, 14,0625 % B	(6)

Avantages

- Dans le troupeau, l'hétérosis individuel et maternel est de 86 %.
- Les femelles de relève sont produites et non pas achetées.
- Les producteurs doivent tenir un registre rigoureux pour garder trace de la race des pères à utiliser.

Inconvénient

- Le troupeau perd 14 % de l'hétérosis individuel et maternel.

Aucun des systèmes de croisement que je viens de décrire n'est idéal pour toutes les situations. Le système parfait maximise l'hétérosis individuel et maternel et permet la production simple de cochettes de relève. Une possibilité digne d'être explorée est la combinaison de la rotation à deux races et du croisement terminal à trois races : la rotation à deux races y servirait à produire les cochettes de relève, et les femelles qui ne servent pas à la production des cochettes de relève seraient accouplées à une troisième race.

Prenons le cas suivant : dans un troupeau de 100 truies, on en élimine 20 tous les ans. En outre :

- quatre cochettes sont sevrées par portée
- le producteur élève 40 cochettes et sélectionne les 20 meilleures chaque année pour servir, éventuellement, à la relève.

Les 40 cochettes dont a besoin le producteur pour les épreuves de performance représentent la portée de 10 truies. Ces 10 truies sont effectivement le troupeau de rotation à deux races; les 90 truies restantes peuvent être accouplées à une troisième race pour donner des porcelets industriels. L'obtention des porcins en vertu de ce système de croisement obéirait au schéma suivant :

Étape 1 Rotation à deux races

Truie	*Composition*	*Cochettes*
10	75 % A, 25 % B ou 25 % A, 75 % B	40

Nota : Les 20 meilleures cochettes sont des cochettes potentielles de relève, les 20 autres sont vendues.

Étape 2 Croisement terminal à trois races

Truies	Composition	Porcs
90	50 % C, 37,5 % A, 12,5 % B ou 50 % C, 12,5 % A, 37,5 % B	720

Nota : Les 720 porcs représentent une mise bas par truie, et tous sont vendus.

Avantages

- Le troupeau possède un hétérosis individuel de 100 %.
- Il possède un hétérosis maternel de 67 %.
- Les femelles de relève sont produites et non pas achetées.
- Les producteurs doivent tenir un registre rigoureux pour garder trace de la race des pères à utiliser.

Inconvénients

- Le troupeau perd 33 % de l'hétérosis maternel.
- Les producteurs doivent conserver des verrats de race pure, recourir à l'insémination artificielle ou les deux.

Une variante de ce schéma consisterait en l'achat de cochettes de race pure A que l'on croiserait avec des verrats de la race B pour obtenir des cochettes croisées qui seraient accouplées à leur tour à une race terminale de pères. Au début, le producteur devrait soit acheter des cochettes croisées, soit effectuer un nombre suffisant de croisements A × B pour constituer les effectifs croisés du troupeau. Une fois ces effectifs utilisables, les cochettes achetées (race A) accouplées à la race B donneraient les cochettes de relève pour les effectifs croisés. Si l'on prend l'exemple de 100 truies au départ, on a :

Étape 1 Croisement simple

Truies	*Composition*	*Cochettes*
10	50 % A, 50 % B	40

Nota : (1) Les 20 meilleures cochettes sont susceptibles de servir à la relève; les 20 autres sont vendues; (2) les cochettes de race seraient achetées à l'extérieur.

Étape 2 Croisement terminal à trois races

Truies	*Composition*	*Cochettes*
90	50 % C, 25 % A, 25 % B	720

Nota : Les 720 porcs représentent une mise bas par truie; tous sont vendus.

Avantages

- Le troupeau possède un hétérosis individuel et maternel de 100 %.
- Les cochettes de relève représentent une petite proportion du troupeau.
- Les producteurs doivent tenir un registre rigoureux pour conserver trace de la race des pères à utiliser.

Inconvénient

- Aucun.

Retard génétique

En matière de croisement, un facteur souvent négligé est le retard génétique, c'est-à-dire le temps nécessaire pour que le progrès génétique se propage et s'exprime chez les porcs industriels. Ce retard dépend des facteurs suivants :

- Le contrôle des performances des verrats et des cochettes — La sélection d'animaux supérieurs à la moyenne en vue de l'amélioration génétique réduit le retard génétique. Réciproquement, le choix d'animaux inférieurs à la moyenne augmente le retard génétique.
- La proportion de verrats (ou de sperme) achetés relativement à celle des verrats nés sur la ferme — Si la proportion des premiers diminue, le retard génétique augmente, et réciproquement.
- La longévité des verrats et des cochettes du troupeau — Plus on conserve ces sujets longtemps pour l'amélioration, plus le retard génétique est grand; plus leur renouvellement est rapide, moins le retard est grand.
- L'achat de femelles de relève — Il réduit le retard génétique.

Ces points étant connus, on peut réduire au minimum le retard génétique en se procurant des animaux supérieurs à la moyenne dans des

troupeaux dont les performances ont été évaluées et en les réservant à un accouplement seulement. Cette mesure serait certainement efficace, mais elle ne serait probablement pas pratique. Les programmes de croisement industriels visent à produire un verrat de qualité qui maximise les profits. À cette fin, les producteurs :

- se servent de la génétique pour améliorer les caractéristiques de croissance et de carcasse des porcs industriels
- utilisent les truies pour augmenter le nombre de porcs industriels
- ont recours à un système de croisement, terminal ou rotatif, pour répondre le mieux possible à leurs besoins et à ceux de leur exploitation.

Comme la classification actuelle des carcasses au Canada favorise les carcasses maigres ainsi que l'importance de réduire au minimum la durée de la croissance–finition, il importe d'utiliser des animaux évalués. Il n'y a probablement pas de controverse touchant l'emploi de verrats de l'extérieur par rapport aux verrats nés dans l'élevage, puisque la plupart des producteurs industriels utilisent des reproducteurs de race pure ou ont recours à l'insémination artificielle ou aux deux, pour obtenir de bons verrats. Toutefois, la longévité des verrats et des cochettes dans le troupeau industriel ne fait pas l'unanimité. Il y a un compromis entre l'amélioration génétique et la productivité, chaque paramètre ayant ses mérites. Empiriquement, on élimine la truie dès que baisse sa productivité ou la performance de sa progéniture (mesurée par le nombre de jours pour atteindre le poids marchand ou l'indice de qualité) relativement à la performance de la progéniture des autres truies. Ce dernier critère peut servir à déterminer le moment où un verrat est sur son retour. L'achat de femelles de relève dépend du type de croisement pratiqué. Il est exigé par le croisement terminal : le retard génétique est donc plus court qu'avec le système rotatif, lequel produit ses propres cochettes de relève. À noter que, dans un système rotatif, la longévité dans le troupeau et un programme rigoureux d'évaluation des performances permettent de rapprocher le retard génétique de celui du croisement terminal.

Sans égard au type de croisement ou aux races utilisées, le facteur à considérer est la qualité des reproducteurs. Ceux-ci, pour que les croisements aient plein effet, doivent être de qualité élevée. Il est plus facile d'acheter des verrats que des cochettes de relève, en raison des possibilités qu'offrent les premiers. En effet, on peut se procurer des verrats de qualité « en chair et en os » ou sous la forme de sperme; l'idéal consiste probablement à utiliser les deux. Si on a recours à l'insémination artificielle, on peut intégrer au troupeau des gènes supérieurs, gènes qui seraient moins accessibles par l'achat direct de verrats.

Dans un système de croisement au moyen de cochettes de relève, qu'elles soient de race ou croisées, il faut être sélectif. Il importe de trouver une source de cochettes de qualité dont les performances ont été évaluées et qui ont été obtenues en vertu d'un programme de sélection intensive. En croisement rotatif, il revient au producteur de se doter d'un programme actif de sélection, aux buts définis : amincissement de la

bardière et accélération de la croissance. L'emploi de géniteurs inférieurs dans un programme de croisement aboutira à des indices de carcasse inférieurs et à une durée de finition plus longue.

Défauts et anomalies génétiques

À l'instar de tous les organismes vivants, chaque porc est la résultante de son patrimoine génétique (ou génotype) et du milieu dans lequel il vit. Le génotype comprend non seulement des gènes qui font du porc un sujet supérieur ou très médiocre, mais il compte également des gènes qui sont létaux ou qui donnent un animal diminué. Les défauts et les anomalies génétiques sont produits par des gènes létaux, qui causent la mort, ou des gènes qui diminuent l'animal, les gènes nocifs non létaux ou gènes sublétaux. Les mécanismes génétiques montrent comment s'expriment ces gènes. Le plus commun est la récessivité simple.

Gènes récessifs

Des gènes récessifs simples sont à l'origine des défauts suivants :

pattes courbées (létal) Les pattes, surtout postérieures, bien que les membres antérieurs puissent également être touchés, sont coudées et rigides.

hernie du cerveau (létal) Le crâne n'est pas complètement fermé, et le cerveau sort de la cavité en n'étant couvert que par une membrane.

catlin mark (marque des catlin) (létal) Le développement du crâne est incomplet.

fente palatine (létal) Au cours du développement, le voile du palais ne se ferme pas.

adiposité excessive (létal) Les porcs deviennent très gras entre 30 et 70 kg de poids vif et meurent.

hémophilie (létal) Les porcs, d'apparence normale, saignent à mort même en s'infligeant de légères blessures.

hydrocéphalie (létal) L'accumulation de liquides céphalo-rachidiens provoque la dilatation de la tête; ce liquide nuit à la croissance osseuse de la tête.

contracture musculaire (létal) Les membres antérieurs sont raides.

paralysie (létal) Les membres postérieurs sont paralysés.

apodie (létal) Les porcs naissent sans pattes et meurent rapidement.

epaississement des membres antérieurs (létal) Il est provoqué par l'infiltration gélatineuse de tissus conjonctifs, qui remplacent le tissu musculaire.

anophtalmie (partiellement létal) Absence de globes oculaires dans l'orbite.

queue coudée (sublétal) La queue est coudée de façon rigide, la rigidité augmentant avec l'âge; les porcs souffrent d'un taux élevé d'anomalies des reins, de l'uretère et des organes génitaux.

tumeurs mélaniques (gène sublétal) Les naevus ou les tumeurs cutanées sont petites à la naissance, mais s'étendent avec l'âge; les naevus sont fortement pigmentés et velus (*nota* : Les naevus ne sont pas toujours génétiques).

Pour que se manifestent ces défauts, le sujet doit posséder le gène récessif en deux exemplaires sur le même locus du chromosome (c'est-à-dire qu'il doit être homozygote). Prenons le cas de la paralysie. Soit le gène P, normal et dominant, et le gène récessif p de la paralysie. Comme le défaut est létal, le troupeau ne compte aucun sujet de génotype pp, tandis que les sujets de génotypes PP et Pp ne peuvent être distingués. Les sujets qui portent le gène récessif masqué par le gène dominant sont dits porteurs. Les combinaisons possibles qui résultent des accouplements sont données au tableau 9.

Tableau 9 Conséquences de la présence du gène récessif de la paralysie dans un troupeau de reproducteurs

Père	× Mère	Progéniture	Phénotype
PP	× PP	100 % PP	100 % normaux
	× Pp	50 % PP, 50 % Pp	100 % normaux
Pp	× PP	50 % PP, 50 % Pp	100 % normaux
	× Pp[a]	25 % PP, 50 % Pp, 25 % pp	75 % normaux, 25 % meurent

[a] Les porcelets pp, qui meurent, ne peuvent être que le résultat de l'accouplement d'un verrat et d'une truie qui porte tous les deux les gènes P et p.

Si nous examinons un défaut non létal comme celui de la queue coudée, la situation diffère quelque peu. Désignons par K le gène dominant et normal et par k le gène récessif de la queue coudée. Les combinaisons possibles sont énumérées au tableau 10.

Tableau 10 Conséquences de la présence du gène récessif de la queue coudée dans un troupeau de reproducteurs

Père × Mère		Progéniture	Phénotype
KK	× KK	100 % KK	100 % normaux
	× Kk	50 % KK, 50 % Kk	100 % normaux
	× kk	100 % Kk	100 % normaux
Kk	× KK	50 % KK, 50 % Kk	100 % normaux
	× Kk	25 % KK, 50 % Kk, 25 % kk	75 % normaux, 25 % queue coudée
	× kk	50 % Kk, 50 % kk	50 % normaux, 50 % queue coudée
kk	× KK	100 % Kk	100 % normaux
	× Kk	50 % Kk, 50 % kk	50 % normaux, 50 % queue coudée
	× kk	100 % kk	100 % queue coudée

Comme dans l'exemple de la paralysie, chaque parent doit posséder au moins un gène récessif pour que le défaut se manifeste. Toutefois, les possibilités que le gène subsiste dans le troupeau sont plus grandes lorsque le défaut n'est pas létal. En effet, les animaux hétérozygotes (Kk) et homozygotes récessifs (kk) conservent le gène.

Les gènes récessifs doubles (c'est-à-dire situés sur deux locus différents d'un chromosome) provoquent les défauts suivants :

absence de poils (gènes sublétaux) État où les follicules pileux normaux sont peu nombreux.

éparvin (gènes sublétaux) Le porc lève la patte convulsivement et, dans les cas extrêmes, le pied s'élève à la hauteur du dos.

Pour se représenter la façon dont ces défauts se manifestent, désignons par H le gène dominant et normal de la pilosité et par h celui, récessif, de l'absence de pilosité, situé sur le premier locus et désignons par B le gène dominant et normal de la pilosité et par b le gène récessif de l'absence de pilosité sur le deuxième locus. Les génotypes possibles de ces gènes sont les suivants :

Génotype	*Résultat*
HHBB	pilosité
HHBb	pilosité
HHbb	pilosité
HhBB	pilosité
HhBb	pilosité
Hhbb	pilosité
hhBB	pilosité
hhBb	pilosité
hhbb	absence de pilosité

Seul le génotype formé uniquement de gènes récessifs (hhbb) donne l'absence de pilosité. Si l'on excepte les génotypes HHBB et hhbb, tous les

autres sont porteurs du défaut. Le nombre de gènes récessifs chez les porteurs va de un à trois. Il est évident que seuls les accouplements entre sujets dont les génotypes sont HhBb, Hhbb, hhBb et hhbb donneront des porcs sans poils. Les pourcentages de sujets sans poils dans la progéniture qui résultent de l'accouplement de parents possédant ces génotypes seront comme suit :

Père	×	*Mère*	*Pourcentage de descendants sans poils*
HhBb	×	HhBb	6,25
	×	Hhbb	12,5
	×	hhBb	12,5
	×	hhbb	25,0
Hhbb	×	Hhbb	25,0
	×	hhBb	25,0
	×	hhbb	50,0
hhBb	×	hhBb	25,0
	×	hhbb	50,0
hhbb	×	hhbb	100,0

L'incidence maximale de porcs sans poils se produit avec la progéniture des verrats ou des truies sans poils.

Gènes dominants

Les gènes dominants peuvent également produire des défauts. En voici des exemples pour un gène dominant qui occupe le même locus d'un chromosome :

hernie ombilicale (sublétal) Faiblesse de la paroi abdominale à l'emplacement du nombril, qui donne passage aux intestins.

pied de mule ou syndactylie (sublétal) Formation d'un doigt au lieu de deux.

caroncules (sublétal) Excroissances cutanées qui pendent de la gorge, près de la mâchoire inférieure.

poils laineux (sublétal) Poils crépus.

Toutes ces manifestations n'ont besoin que d'un gène dominant, par contraste avec les défauts causés par les gènes récessifs d'un locus. Pour le démontrer, désignons par W le gène dominant de la présence de caroncules et par w le gène normal. On observera des caroncules chez les porcs de génotype WW ou Ww, tandis que les porcs normaux auront le génotype ww. Tous les accouplements possibles de ces génotypes donneront les génotypes suivants chez la progéniture :

Père	× *Mère*	*Progéniture*	*Caroncules*
WW	× WW	100 % WW	100 %
	× Ww	50 % WW, 50 % Ww	100 %
	× ww	100 % Ww	100 %
Ww	× WW	50 % WW, 509 % Ww	100 %
	× Ww	25 % WW, 50 % Ww, 25 % ww	75 %
	× ww	50 % Ww, 50 % ww	50 %
ww	× WW	100 % Ww	100 %
	× Ww	50 % Ww, 50 % ww	50 %
	× ww	100 % ww	0 %

Avec ce type de transmission, il est facile d'éliminer les porcs caronculés du troupeau parce que le gène défectueux s'exprime toujours.

Le dernier type connu d'affection génétique fait intervenir des gènes dominants situés sur deux locus. En voici un exemple :

pilosité en épis (sublétaux) L'aspect de la pilosité est modifié.

Pour avoir une idée de ce type d'hérédité, étudions les génotypes possibles.

Supposons que S est le gène dominant qui cause la formation d'épis au locus 1

s le gène normal au locus 1;

L le gène dominant qui cause la pilosité en épis au locus 2;

l le gène normal au locus 2.

Les génotypes possibles sont les suivants :

Génotype	*Expression*
SSLL	épi
SSLl	épi
SSll	normal
SsLL	épi
SsLl	épi
Ssll	normal
ssLL	normal
ssLl	normal
ssll	normal

Sur les cinq génotypes qui ne donnent pas d'épis, quatre (SSll, Ssll, ssLL et ssLl) sont porteurs du défaut parce que les gènes dominants nécessaires à la manifestation du gène sont préservés.

Le dernier groupe d'anomalies comprend les affections qui pourraient avoir une cause génétique et dont le mécanisme n'est pas encore élucidé. Parmi les anomalies de ce groupe, citons les suivants :

atrésie de l'anus (létal) L'anus est occlus; mortel seulement pour les mâles; les femelles défèquent par la vulve.

anomalie de l'oreille (létal) Les oreilles sont fendues et les membres postérieurs sont tors.

invagination du mamelon (sublétal) Les tétines sont invaginées au lieu de saillir : les porcelets ne peuvent pas téter.

mammite (sublétal) Il faut parfois enlever les mamelles indurées pour sauver la truie; cet état se manifeste chez certaines lignées.

polydactylie (sublétal) Doigts supplémentaires sur le pied postérieur.

myoclonie congénitale ou contractions musculaires (sublétal) Les porcelets sont affligés de tremblements légers à graves, ce qui complique la tétée.

déviation des membres en dehors (sublétal) Les porcelets sont incapables de se tenir debout ou de marcher parce que les pattes (postérieures habituellement) sont tournées vers le dehors ou vers l'avant; certaines races et lignées sont plus susceptibles d'avoir cette anomalie.

hermaphrodisme ou pseudohermaphrodisme (sublétal) Les hermaphrodites possèdent à la fois des tissus testiculaires et ovariens. Les pseudohermaphrodites possèdent du tissu testiculaire (mais pas de tissu ovarien) ainsi que des organes sexuels féminins secondaires (vulve, vagin et utérus).

cryptorchidie (sublétal) Caractère lié au sexe. Les deux testicules ou un seul d'entre eux n'est pas descendu, comme il se doit, dans le scrotum.

hernie scrotale (sublétal) Caractère lié au sexe. Les muscles de l'anneau inguinal, affaiblis, laissent passer les intestins dans le scrotum.

Quel que soit le mécanisme qui cause la cryptorchidie et l'hernie scrotale, l'anomalie ne se manifeste que chez le mâle lorsque le mécanisme s'y trouve.

Gènes de la sensibilité au stress ou à l'halothane

Bien qu'il ne soit pas considéré comme une anomalie génétique comme ceux dont je viens de parler, ce gène est la cause du syndrome du stress porcin, c'est-à-dire la mort soudaine et imprévue des porcins au cours du transport ou d'activités quotidiennes normales comme les allées et venues ou les batailles. Apparentée à ce syndrome, l'hyperthermie maligne est l'augmentation de la température du corps qui cause la mort et contre laquelle on ne peut rien. À cette affection, on associe étroitement le syndrome de la viande exsudative du porc. À noter que ce dernier syndrome n'est pas entièrement d'origine génétique. Une manipulation inappropriée des porcs immédiatement avant l'abattage et des carcasses immédiatement après l'abattage peut causer une incidence plus élevée du syndrome des viandes exsudatives.

Le mécanisme génétique qui est à l'origine du syndrome de stress chez le porc est un gène récessif généralement désigné sous le nom de gène de stress à l'halothane. En effet, l'exposition d'un porc à ce gaz

anesthésique permet de déceler les porcs susceptibles ou non au syndrome. L'épreuve est très simple. On donne le gaz à respirer aux porcs pendant 5 minutes au maximum. Si les muscles du porc raidissent, il est positif à l'halothane ou susceptible au stress. Les porcs qui s'endorment sans réagir au gaz sont négatifs. Si l'on désigne par n le gène normal et par N le gène dominant, nous avons les génotypes possibles suivants :

Génotype	*Réaction à l'halothane*	*Susceptibilité au stress*
NN	Négative	Non
Nn	Négative	Non
nn	Positive	Oui

Ainsi, l'épreuve permet de déterminer les porcs susceptibles au stress, mais il est difficile d'identifier l'hétérozygote (Nn) ou porteur. Beaucoup de travaux de recherche sont en cours afin d'identifier les porteurs au moyen de marqueurs génétiques et physiologiques. Les marqueurs génétiques sont des gènes qui sont associés ou reliés de très près au gène de la sensibilité à l'halothane. Ils sont utilisés pour détecter avec précision la présence du gène qui cause la sensibilité à l'halothane dans les génotypes nn ou Nn. Les marqueurs physiologiques sont des propriétés chimiques que l'on peut attribuer à la présence d'un, de deux ou d'aucun gènes de sensibilité à l'halothane. La caractérisation de ces propriétés permettrait d'identifier les porteurs des génotypes nn et Nn.

La recherche a montré que les porcs positifs diffèrent des négatifs quant aux caractères reliés à la reproduction, aux performances et à la carcasse. En général, le gène de sensibilité à l'halothane donne une carcasse plus maigre ainsi qu'une portée de taille réduite à la naissance et au sevrage. Il a également été relié à la réduction de l'épaisseur de la bardière, de la vitesse de croissance ainsi que de l'efficience alimentaire, bien qu'une masse considérable de faits appuie ou contredise ces corrélations.

Jones et ses collègues donnent une description plus détaillée des relations génétiques du syndrome de stress chez le porc dans le bulletin technique d'Agriculture Canada 1988-11F intitulé *La qualité du porc : revue technique*, rédigé par le groupe des viandes rouges de la Station de recherches d'Agriculture Canada à Lacombe (Alb.). On peut en obtenir des exemplaires en écrivant au :

Directeur
Station de recherches
Agriculture Canada
Sac postal 5000
Lacombe (Alb.)   T0C 1S0

Anomalies et troupeau de reproduction

La recommandation la plus pratique concernant l'observation d'anomalies dans un troupeau de reproducteurs est la suivante : éliminer l'animal. Si l'anomalie ne possède aucune cause génétique connue, ne pas

prendre de risque, éliminer. Dans les portées où le taux d'anomalies est inférieur à 20 %, l'élimination des porcs touchés est efficace; lorsque l'incidence dépasse 20 %, l'élimination de la portée est indiquée. Si toute la portée est affligée d'une anomalie, l'élimination s'étend également au père et à la mère. Si le verrat est également le père d'autres portées, surveiller la progéniture de même que toute descendance que celle-ci peut avoir. La sélection dirigée contre un défaut ne permet pas d'éliminer complètement ce dernier d'un troupeau ou d'une population. À mesure que la fréquence du gène défectueux s'abaissera, elle finira par égaler le taux de mutation, le taux d'apparition du gène produit par mutation. Lorsque la fréquence du gène égale le taux de mutation, chaque gène défectueux éliminé par la sélection est remplacé par un autre gène défectueux produit par mutation.

Consanguinité

La consanguinité consiste en l'accouplement d'animaux apparentés de plus près que la moyenne du troupeau. On réduit ainsi le nombre de paires de gènes qui possèdent les allèles différents ou hétérozygotes et on augmente ainsi le nombre d'allèles homozygotes ou semblables. L'augmentation de l'homozygotie dans une population par la consanguinité produit des effets semblables à ceux de la sélection, sauf que la sélection est orientée vers les gènes favorables, tandis qu'avec la consanguinité, c'est le hasard qui favorise les gènes; autrement dit, les paires de gènes qui deviennent homozygotes peuvent être favorables ou défavorables avec une probabilité égale.

L'augmentation de l'homozygotie du fait de la consanguinité peut mener à l'expression d'un plus grand nombre de défauts génétiques. Toutefois, le problème le plus grave est celui de la dépression de consanguinité c'est-à-dire l'abaissement de la performance des caractères avec l'augmentation du taux de consanguinité; le phénomène est des plus évidents dans les caractères reliés à la fertilité, à la survie et à la taille. En 1968, deux exemples tirés des travaux de Bereskin et de ses collègues, aux États-Unis, ont montré que pour chaque tranche d'augmentation de 10 % du taux de consanguinité, le nombre de sujets nés vivants diminuait d'environ 0,24 porcelet, tandis que le poids vif était inférieur de 2,6 kg à l'âge de 154 jours. La dépression de consanguinité s'exprime de façon subtile. Si le producteur ne surveille pas le taux de consanguinité dans son troupeau, il attribue souvent les effets de la dépression à la maladie, à l'alimentation et aux conditions saisonnières.

Afin de contrôler les taux de consanguinité, le producteur doit pouvoir calculer le coefficient de consanguinité pour n'importe quel ou tous ses porcins. Le coefficient de consanguinité (F) est la probabilité qu'un gène présent chez un sujet provienne du même parent éloigné. Cette définition pose la question de la présence ou de l'absence de

consanguinité : la nécessité pour un ancêtre de figurer sur le côté paternel et sur le côté maternel de l'arbre généalogique.

Calcul des coefficients de consanguinité

Étape 1 Identifier le père et la mère à accoupler et construire leurs généalogies complètes.

Étape 2 Séparer d'un trait médian la généalogie paternelle et la généalogie maternelle. Des deux côtés, rechercher à partir de la gauche vers la droite des ancêtres qui se trouveraient du côté paternel et maternel.

Étape 3 Déterminer si les ancêtres communs sont consanguins. À cette fin, examiner la généalogie des ancêtres communs selon la méthode décrite à l'étape 2.

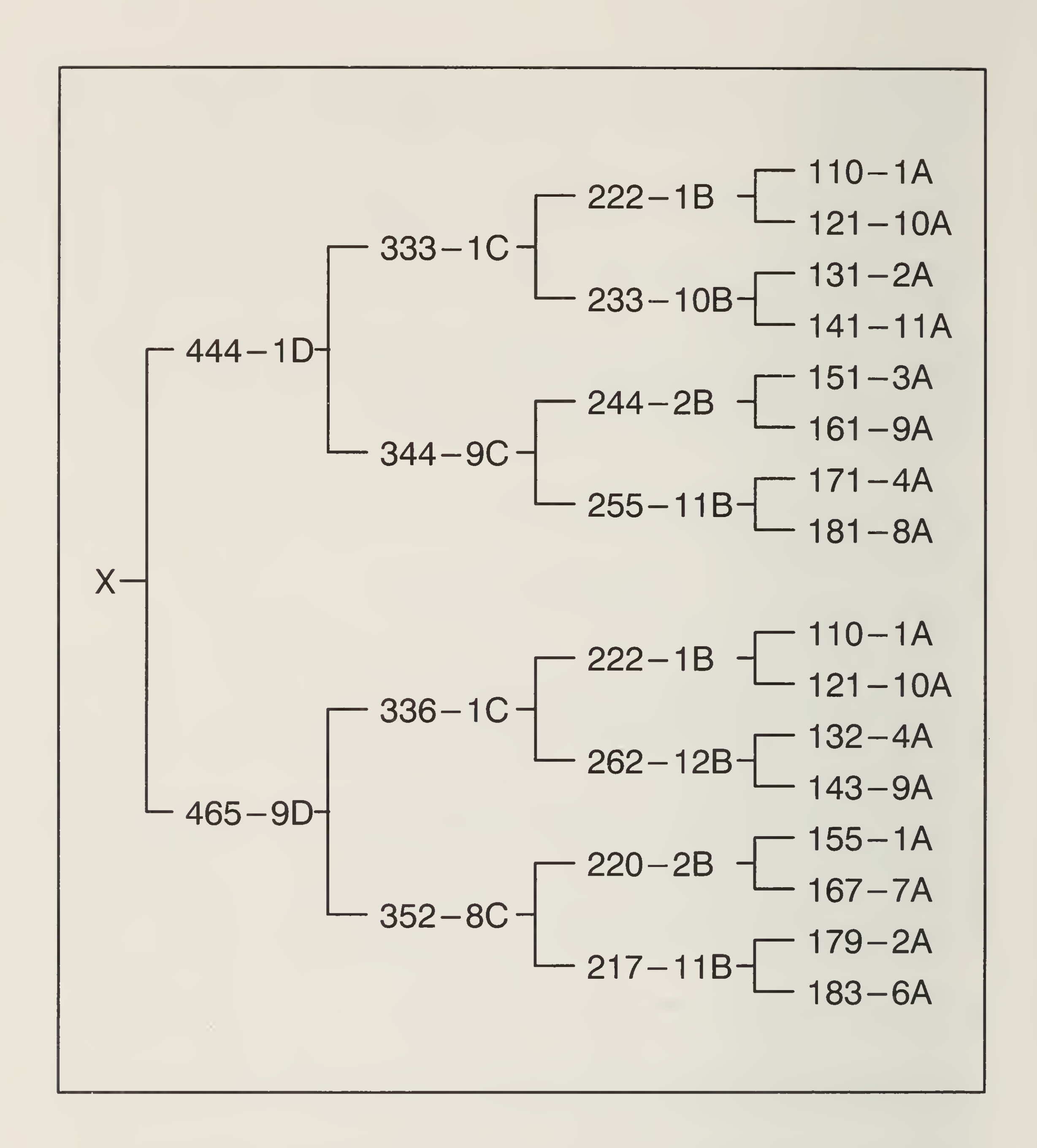
Étape 4 Calculer le degré de consanguinité de la progéniture (F_x).

(i) Tracer le flux héréditaire partant des ancêtres communs, du côté paternel et maternel de la généalogie.
(ii) Calculer le degré préliminaire de consanguinité dû aux ancêtres communs (F_p).
(iii) Combiner F_p au degré de consanguinité des ancêtres communs (F_{ac}) afin de déterminer le degré réel de consanguinité attribuable aux ancêtres communs (F_r).
(iv) Enfin, additionner le degré réel de consanguinité (F_r) de chaque ancêtre commun afin de calculer le degré de consanguinité (F) du sujet.

Exemple 1

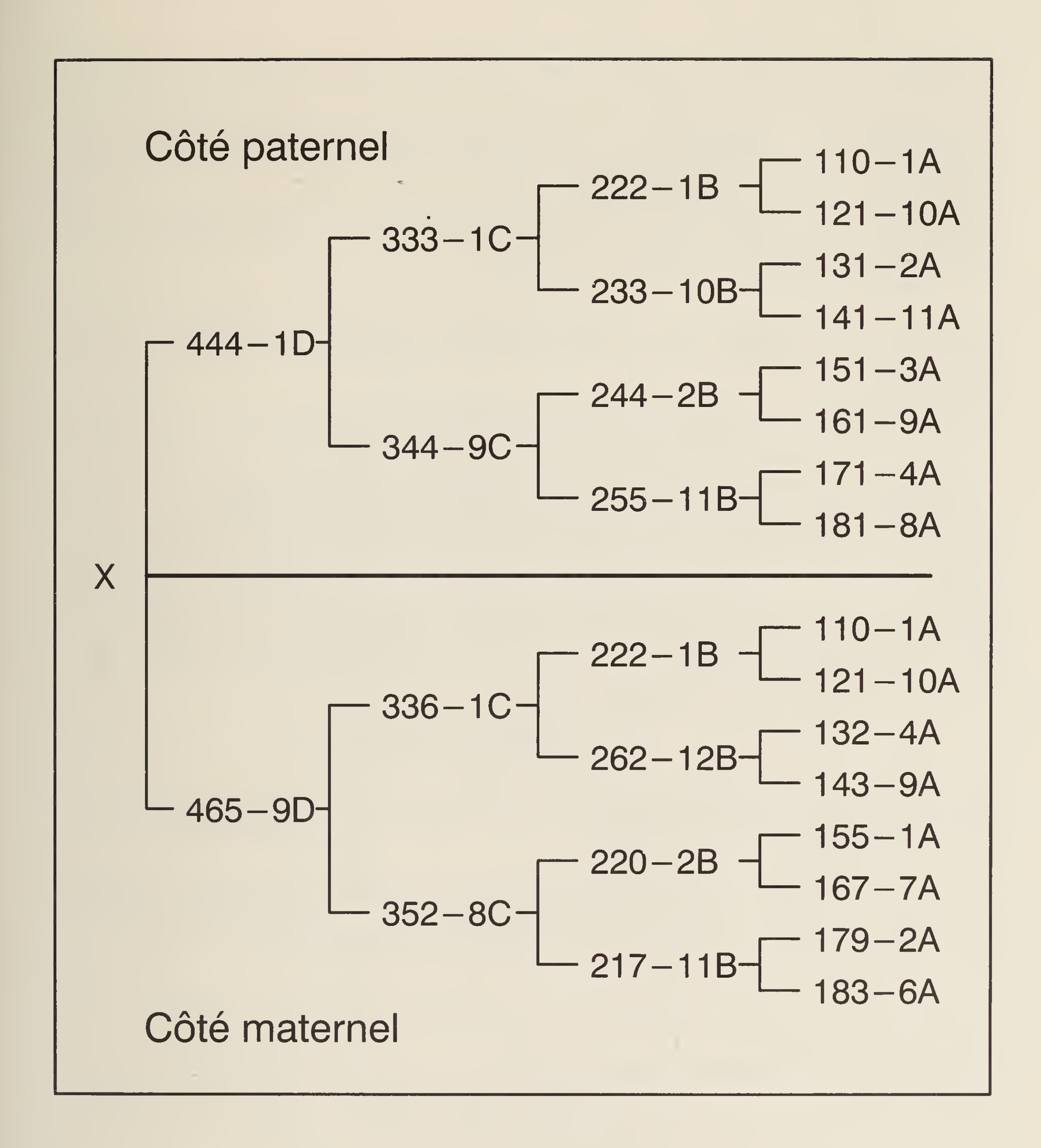
Un sélectionneur de porcs veut accoupler son meilleur verrat (444-1D) à une cochette (465-9D) qu'il vient d'acheter.

Étape 1 La généalogie du sujet X, fils ou fille de 444-1D et de 465-9D est la suivante :



Ces ancêtres sont appelés ancêtres communs, et il ne peut y avoir de consanguinité que s'il y a des ancêtres communs.

Étape 2 Dans cette généalogie, le seul ancêtre commun est 222-1B. Le père et la mère de cet animal (c'est-à-dire 110-1A et 121-10A) ne sont pas considérés comme des ancêtres communs parce que leur apport génétique est représenté par celui de 222-1B.



Étape 3 Voici la généalogie de 222-1B :

222-1B — 110-1A / 121-10A

Il est évident, d'après la généalogie, que 222-1B n'est pas consanguin. En effet, on ne connaît que le père et la mère, et rien ne dit que ces deux derniers sont apparentés.

Étape 4 (i)

Chaîne de parenté paternelle Les animaux entre l'ancêtre commun et X sont 333-1C et 444-1D. Donc, le nombre d'animaux entre l'ancêtre commun et X du côté paternel (n_p) est 2.

Chaîne de parenté maternelle Les animaux entre l'ancêtre commun et X sont 465-9D et 336-1C. Donc, $n_m = 2$.

Étape 4 (ii) Le coefficient préliminaire de consanguinité dû à 222-1B est comme suit :

$$F_p = (0{,}5)^{n_p + n_m + 1}$$

Dans l'équation, 0,5 est la probabilité qu'un gène donné soit transmis du parent à la progéniture; $n_p + n_m + 1$ modifie la probabilité qu'un gène particulier soit transmis du parent à sa progéniture en la probabilité que le gène soit transmis de l'ancêtre commun à X. Les termes n_p et n_m se rapportent au nombre d'animaux dans la chaîne paternelle et maternelle, respectivement. On ajoute l'unité à la somme des deux dans un souci de correction. Ainsi,

$$F_p = (0{,}5)^{2+2+1} = (0{,}5)^5$$
$$= 0{,}03125$$

(*Nota* : on trouvera à la dernière page les valeurs exponentielles qui permettent de faire ces calculs.)

Étape 4 (iii) Si l'on combine F_p à l'indice de consanguinité de l'ancêtre commun (F_{ac}) pour obtenir le degré réel de consanguinité (F_r), on a

$$F_a = F_p \times (1 + F_{ac})$$

Comme 222-1B n'est pas consanguin,

$$F_a = 0{,}03125 \times (1 + 0)$$
$$= 0{,}03125$$

Étape 4 (iv) Le taux réel de consanguinité de tous les ancêtres communs — dans le cas qui nous occupe, cet ancêtre est unique — montre que le taux de consanguinité de X (F_x) est de :

$$F_x = F_a = 0{,}03125 \text{ or } 3{,}125\%$$

Ainsi, le sujet X a 3,125 % de probabilité de recevoir un gène donné de 222-1B (tableau 11).

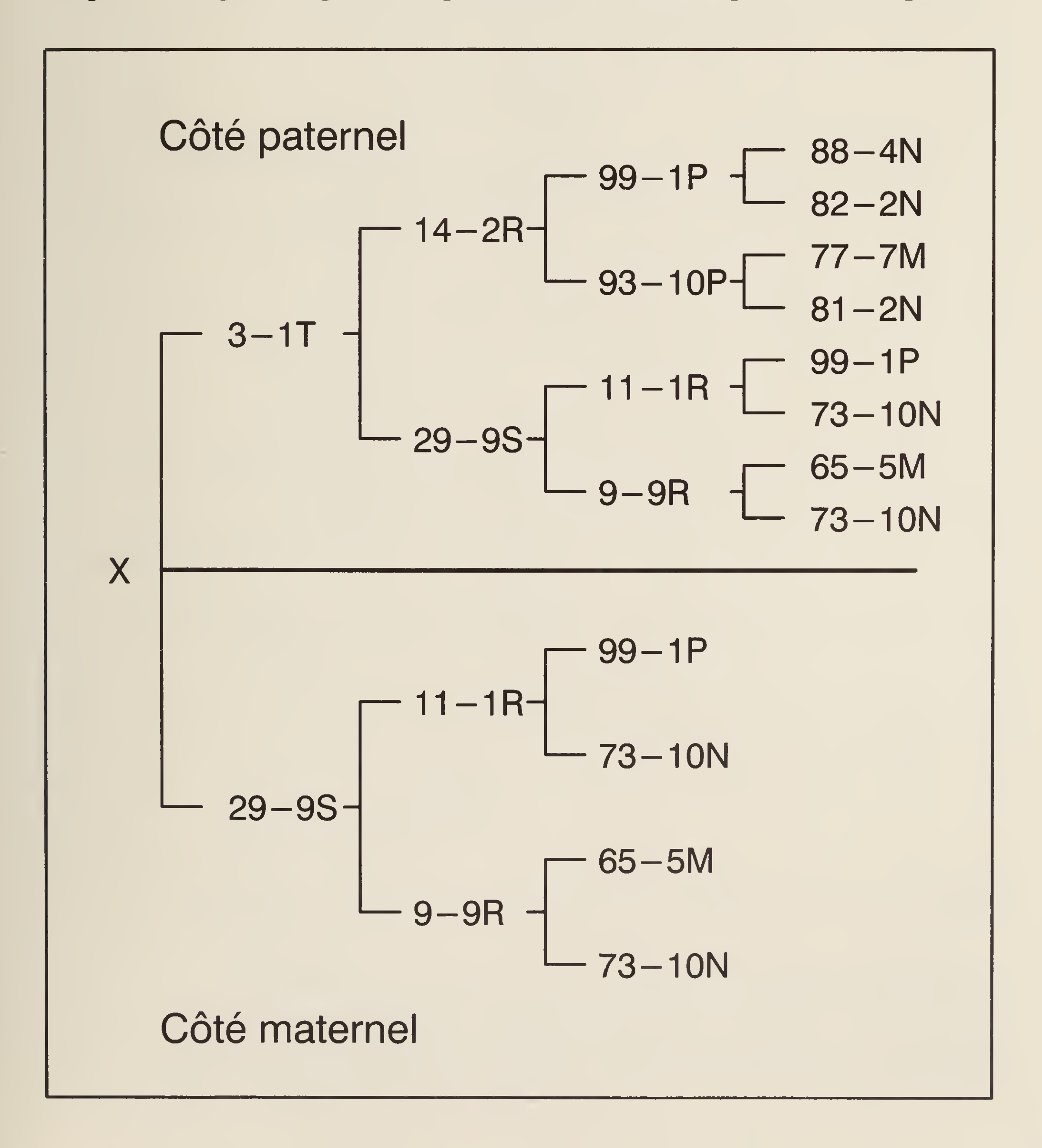
Tableau 11 Calcul du taux de consanguinité du porcelet X

Ancêtre commun	n_p	n_m	+1	F_p	$(1 + F_{ac})$	F_r
222-1B	2	2	1	$(0,5)^5$	1 + 0	0,03125
						F_x = 0,03125
						ou 3,125%

Exemple 2

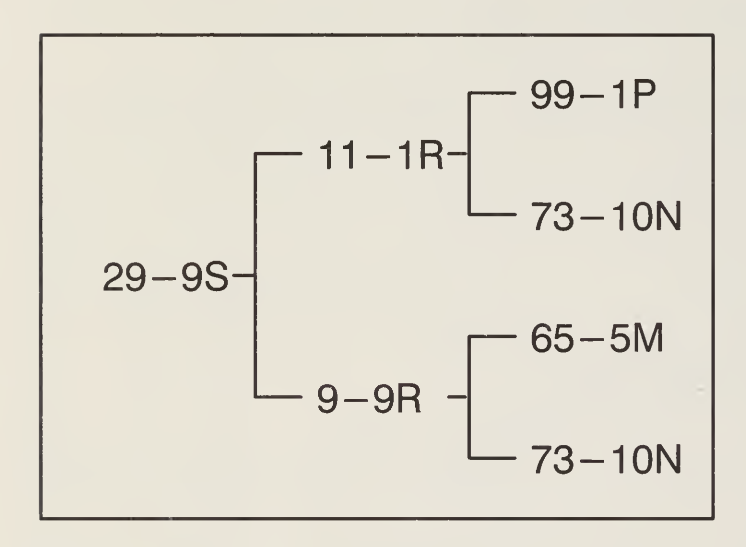
Pour que le lecteur puisse bien s'imprégner de la méthode de détermination du coefficient de consanguinité voici la généalogie du porcelet Y.

Étape 1 La généalogie étant présentée ci-dessous, passer à l'étape 2.



Étape 2 L'ancêtre commun le plus évident est 29-9S, mais 99-1P est également un ancêtre commun. En effet, il est relié à Y par 14-2R et par 3-1T du côté paternel et par 11-1R et 29-9S du côté maternel. Ce type d'ancêtre commun échappe souvent à l'attention, mais l'exemple souligne l'importance de recenser l'apport génétique d'ancêtres communs ainsi que des ancêtres communs potentiels.

Étape 3 Pour ce qui est de déterminer si les ancêtres communs sont consanguins, on ne dispose d'aucune information généalogique sur 99-1P. Nous devons donc supposer que ce verrat n'était pas consanguin. Toutefois, voici la généalogie connue de 29-9S.



La lecture de la généalogie de 29-9S ne permet de recenser qu'un seul ancêtre commun, 73-10N. Nous devons donc supposer que cette truie n'est pas consanguine, sa généalogie étant inconnue.

Chaîne de parenté paternelle 11-1R se place entre 73-10N et 29-9S, $n_p = 1$.
Chaîne de parenté maternelle 9-9R se situe entre 29-9S et 73-10N, $n_m = 1$.

Le coefficient de consanguinité de 29-9S est :

$$(0,5)^{1+1+1} = (0,5)^3 = 0,125 \text{ ou } 12,5\%$$

Étape 4 Calcul du coefficient de consanguinité de Y (tableau 12).

Ancêtre commun : 29-9S

Chaîne de parenté paternelle 3-1T se situe entre 29-9S et Y, $n_p = 1$.
Chaîne de parenté maternelle Aucun animal entre Y et 29-9S, $n_m = 0$.

Ancêtre commun : 99-1P

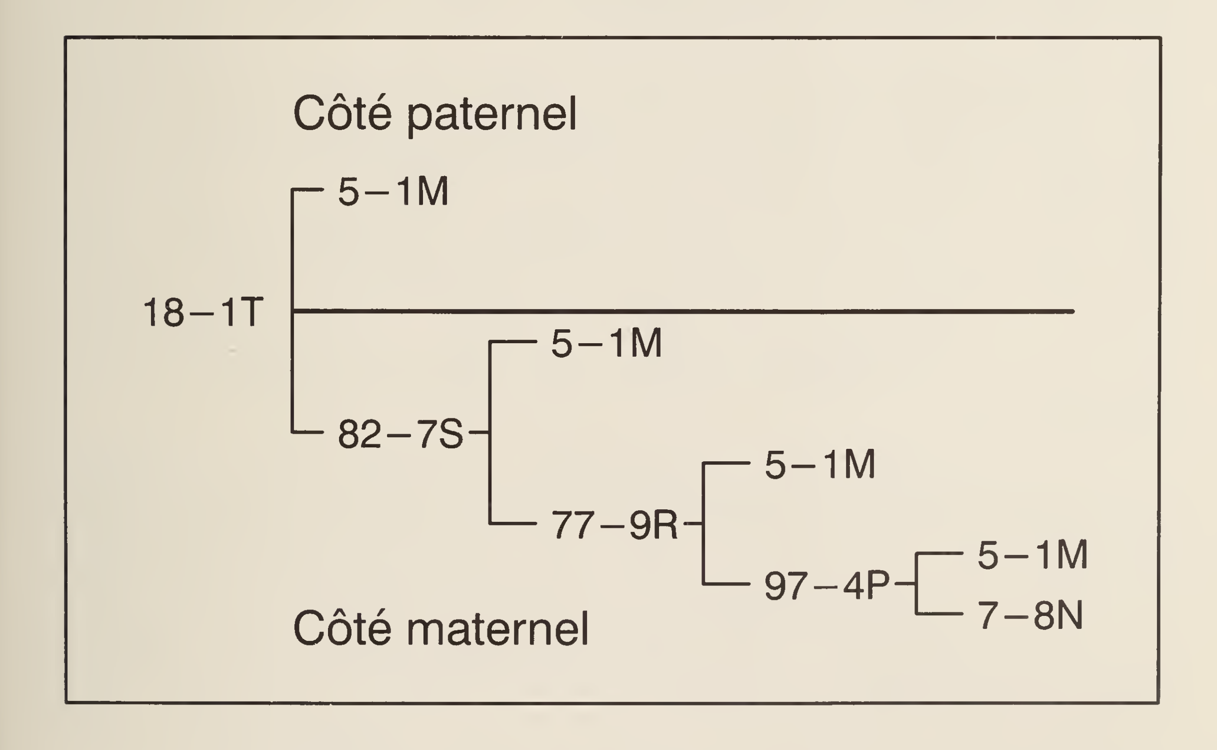
Chaîne de parenté paternelle	14-2R et 3-1T se situent entre 99-1P et Y, $n_p = 2$.
Chaîne de parenté maternelle	29-9S et 11-1R se situent entre Y et 99-1P, $n_m = 2$.

Tableau 12 Calcul du coefficient de consanguinité du porcelet Y

Ancêtre commun	n_p	n_m	+1	F_p	$(1 + F_{ac})$	F_r
29-9S	1	0	1	$(0,5)^2$	1 + 0,125	0,28125
99-1P	2	2	1	$(0,5)^5$	1 + 0	0,03125
						F_y = 0,3125
						ou 31,25%

Exemple 3

Un sélectionneur obtient un verrat, 18-1T, en n'utilisant qu'un seul père. Compte tenu de la généalogie ci-dessous, quel est le coefficient de consanguinité de 18-1T?



Dans cette généalogie, 5-1M est l'ancêtre commun, mais il fournit ses gènes à 18-1T, en trois occasions, par le côté maternel. Comme on ne possède aucun renseignement généalogique sur 5-1M, il nous faut supposer que sa consanguinité est nulle. À la lumière de ces données, nous passons à l'étape 4.

Étape 4 Calcul du coefficient de consanguinité du verrat 18-1T (tableau 13).

Chaîne de parenté paternelle aucun animal entre 5-1M et 18-1T, $n_p = 0$.
Chaîne de parenté maternelle (1) 82-7S se situe entre 18-1T et 5-1M, $n_m = 1$;
(2) 82-7S et 77-9R se situent entre 18-1T et 5-1M, $n_m = 2$;
(3) 82-7S, 77-9R et 97-4P se situent entre 18-1T et 5-1M, $n_m = 3$.

Tableau 13 Calcul du coefficient de consanguinité du verrat 18-1T

Ancêtre commun	n_p	n_m	+1	F_p	$(1 + F_{ac})$	F_r
5-1M (1)	0	1	1	$(0,5)^2$	1 + 0	0,25
5-1M (2)	0	2	1	$(0,5)^3$	1 + 0	0,125
5-1M (3)	0	3	1	$(0,5)^4$	1 + 0	0,0625
					$F_{18\text{-}1T}$ =	0,4375
						ou 43,75%

Gestion de la consanguinité

Il faut tenir compte de la consanguinité, mais le calcul des coefficients de tous les animaux d'un troupeau prend du temps. On peut prendre le raccourci suivant. On consulte les généalogies des parents potentiels afin de déterminer s'il s'y trouve des ancêtres communs. À cette fin, le producteur doit conserver les généalogies détaillées de tous les reproducteurs du troupeau. Si ceux-ci ne possèdent aucun ancêtre commun, la portée ne sera pas consanguine. Si des ancêtres sont communs, le producteur peut calculer le coefficient de consanguinité de la portée et, connaissant sa valeur, il peut donner le feu vert ou non à l'accouplement.

Si le coefficient de consanguinité est faible (de 1 à 5 %), l'accouplement pourrait être effectué avec une faible probabilité d'effets négatifs. Si le coefficient est supérieur à 5 %, on ne devrait probablement pas effectuer l'accouplement. Toutefois, si tous les accouplements possibles sont affectés de coefficients supérieurs à 5 %, le producteur a besoin de la contribution de souches non apparentées. Si la consanguinité se répercute sur la reproduction des truies, il faut réduire les coefficients de consanguinité. Le croisement éloigné (croisement de retrempe) de truies consanguines à des verrats non apparentés abaisse le coefficient de consanguinité à zéro chez la progéniture.

La taille du troupeau de reproducteurs, si ce dernier est fermé, est un facteur important dont il faut tenir compte dans la gestion de la consanguinité. Il est avéré que plus le troupeau est petit, plus le coefficient de consanguinité est élevé, comme le montre le tableau 14.

Tableau 14 Coefficients de consanguinité en tant que pourcentage par génération, dans des troupeaux de diverses tailles

	Nombre de verrats			
Nombre de cochettes	5	10	15	20
	%			
5	5,00	–	–	–
10	3,75	2,50	–	–
15	3,33	2,08	1,67	–
20	3,13	1,88	1,46	1,25
25	3,00	1,75	1,33	1,13
30	2,92	1,67	1,25	1,04
35	2,86	1,61	1,19	0,98
40	2,81	1,56	1,15	0,94

Il est évident que le coefficient de consanguinité diminue en raison inverse du nombre de verrats ou de cochettes, ou des deux. Ainsi, si c'est économiquement faisable et si l'on dispose d'une superficie et d'une main-d'œuvre suffisantes, on peut, en augmentant la taille du troupeau de reproducteurs, atténuer le coefficient de consanguinité. L'équation qui sert à calculer le taux de consanguinité par génération est la suivante :

$$\text{Taux de consanguinité par génération} = (V + C)/(8 \times V \times C)$$

où V est le nombre de verrats reproducteurs;
C est le nombre de femelles reproductrices.

De la théorie à la pratique

La décennie qui s'ouvre pourrait apporter un certain nombre de transformations dans la sélection des porcins au Canada. Les facteurs de ces changements comprennent :

- l'emploi plus fréquent de l'insémination artificielle
- l'emploi plus intensif des reproducteurs de firmes de sélection
- les méthodes permettant de reconnaître les porcins affligés d'anomalies génétiques
- les améliorations apportées aux stratégies nationales de sélection à l'égard de l'épaisseur de la bardière et de la vitesse de croissance
- les répercussions de l'emploi de porcins chinois sur la productivité des truies
- les répercussions des nouvelles techniques de génétique moléculaire

- l'emploi de la somatotrophine porcine ou de bêta-agonistes afin de modifier la composition des carcasses.

Comme on insiste sur l'état de santé des troupeaux, l'emploi accru de l'insémination artificielle constitue une mesure logique. Les sélectionneurs, qu'ils produisent des animaux de races ou des animaux croisés, ont besoin des meilleurs sujets disponibles pour l'amélioration génétique de leurs troupeaux. Grâce à l'insémination artificielle, on peut répandre l'emploi de verrats génétiquement supérieurs en réduisant au minimum le risque d'introduire la maladie dans le troupeau.

À cet égard, il faut mentionner la contribution croissante des firmes de sélection. L'achat de cochettes et de verrats de relève d'un seul plutôt que de plusieurs troupeaux est une mesure prophylactique. En outre, les firmes de sélection fonctionnent à une échelle plus grande que les sélectionneurs privés et elles peuvent exercer des pressions de sélection plus grandes sur les caractères de production (épaisseur de la bardière et vitesse de croissance) ainsi que sur les caractères de reproduction (taille des portées et l'aptitude maternelle).

Les cinq causes suivantes de changement pourraient être le fruit de la recherche en cours :

(1) L'identification des porteurs d'anomalies génétiques diminuerait de façon marquée l'incidence de ces anomalies et les pertes économiques qu'ils entraînent. Les chercheurs de la Station de recherches d'Agriculture Canada à Lacombe (Alb.) ont mis au point une méthode d'identification des porcins porteurs du gène de la sensibilité à l'halothane.

(2) On pourrait modifier les stratégies nationales de sélection à l'égard de l'épaisseur de la bardière et de la vitesse de croissance à la lumière de l'étude sur la sélection en cours à la Station de recherches d'Agriculture Canada de Brandon (Man.). Quand cette étude sera terminée, on connaîtra les effets de la sélection prolongée à l'égard de l'amincissement de la bardière et de l'augmentation du croît après le sevrage sur les performances de reproduction et sur la qualité de la carcasse.

(3) Les porcs chinois, qui viennent d'être introduits aux États-Unis, pourraient bouleverser les stratégies d'amélioration génétique. Même si, par leur carcasse, ils sont inférieurs aux nôtres, leurs performances de reproduction sont exceptionnelles. Par exemple, les cochettes de la race Meishan atteignent la puberté au 100e jour et sèvrent des portées plus grosses (de 13 à 15 porcelets). Si ces caractères sont surtout déterminés par des facteurs génétiques, l'intégration de gènes de ces races, par transfert génétique ou par croisement, améliorera les critères canadiens de productivité des truies.

(4) En génétique moléculaire, les techniques qui voient le jour toucheront probablement le génie génétique et la manipulation de l'embryon. Si ces techniques sont adoptées par l'industrie, elles

devront être conservées selon les principes que j'ai décrits dans le présent bulletin.

(5) L'emploi de la somatotrophine porcine ainsi que de bêta-agonistes ne changera pas seulement la composition de la carcasse, mais également les objectifs de sélection. L'effet des pratiques actuelles de sélection sur la réduction de la composition en tissu adipeux et sur l'accélération de la croissance, peut se répercuter sur l'efficacité de ces facteurs. Il faudra voir aussi si le consommateur va adopter le porc ainsi traité.

Glossaire

(Les termes que l'on retrouve dans les définitions sont définis dans cette liste.)

allèle Toutes les formes possibles d'un **gène** occupant le même locus sur un **chromosome** particulier.

bardière Lard dorsal.

caractère qualitatif Caractère déterminé par une ou deux paires de **gène** et qui ne subit pas une influence marquée des facteurs du milieu ou des facteurs non génétiques.

caractère quantitatif Caractère déterminé par de nombreuses paires de **gènes** et qui subit l'influence du milieu ou de facteurs non génétiques.

caroncules Petites excroissances.

chromosome Le support physique des **gènes**.

coefficient de consanguinité Probabilité que chaque membre d'une paire d'allèles présent chez un animal proviennent du même ancêtre.

consanguinité L'accouplement d'animaux apparentés, ce qui accroît la probabilité que les **allèles** présents sur chaque locus de chaque **chromosome** seront identiques.

croisement Accouplement d'animaux de races différentes.

dépression de consanguinité Diminution des performances avec l'augmentation du coefficient de consanguinité. Cette dépression est des plus évidentes pour les caractères reliés à la fertilité, à la survie ou à la vitesse de croissance.

dérive génique Modifications aléatoires de la fréquence des gènes.

différentielle de sélection Différence de valeur entre la performance moyenne des animaux retenus par la sélection et la moyenne de la population de tous les contemporains.

écart type Mesure de la variation d'un caractère donné.

F_1 La première génération issue de l'accouplement d'animaux de races différentes.

fréquence de mutation Taux auquel un **gène** est transformé par **mutation**.

fréquence génique La proportion du **gène** qui se trouve dans un troupeau ou dans une population.

gène L'unité fondamentale d'un caractère héréditaire.

gène dominant L'un des deux **gènes** occupant un locus d'un **chromosome** particulier, qui masque l'effet de l'autre **gène**.

gène létal **Gène** causant la mort de l'animal lorsqu'il se manifeste.

gène récessif L'un des deux **allèles** d'un locus d'un **chromosome** particulier dont l'effet est masqué par l'autre **allèle**.

gène sublétal Gène qui diminue l'animal sans le tuer directement lorsqu'il se manifeste.

héritabilité Le degré dans lequel la performance de la progéniture provient des **gènes** transmis par les parents.

hétérosis ou vigueur hybride La différence entre les **performances** d'animaux **croisées** et les performances moyennes des races parentales.

hétérozygote Porteur de deux allèles différents sur un locus donné d'une paire de **chromosomes**.

hétérozygotie Situation d'un individu qui est hétérozygote pour un caractère donné.

homozygote Porteur d'allèles identiques sur un locus donné d'une paire de chromosomes.

homozygotie Situation d'un individu qui est homozygote pour un caractère donné.

hyperthermie maligne Augmentation inéluctable de la température du corps, qui peut tuer l'animal.

IA Insémination artificielle

indice de sélection Estimation chiffrée de plus d'un caractère servant à la sélection animale.

inguinal Qui appartient à l'aîne.

méthode du tandem Méthode de sélection pour plusieurs caractères, chaque caractère étant considéré en alternance.

migration Apport de **gènes** à la faveur de l'introduction de géniteurs dans un troupeau ou perte de **gènes** lorsque des animaux en sont éliminés.

mutation Transformation d'un **gène**.

miveaux indépendants de rejet Méthode de sélection appliquée à plus d'un caractère où le sélectionneur fixe la norme de chaque caractère et où il ne choisit que les animaux qui atteignent chaque norme ou font mieux.

rétrocroisement Accouplement d'animaux F_1 à l'une des races parentales.

sélection Choix des animaux qui assureront la reproduction de façon préférentielle.

syndrome de stress chez les porcs Mort soudaine ou imprévue de porcins durant le transport ou dans des circonstances normales.

valeur d'élevage estimée Estimation de la valeur génétique d'un animal en tant que géniteur.

TABLE DE CONVERSIONS

Pour convertir une unité impériale en unité métrique, il faut multiplier le nombre par le facteur de conversion.

Pour convertir une unité métrique en unité impériale, il faut diviser le nombre par le facteur de conversion.

Unités impériales	Facteurs de conversion	Unités métriques	
Longueur			
pouce	25	millimètre	(mm)
pied	30	centimètre	(cm)
verge	0,9	mètre	(m)
mille	1,6	kilomètre	(km)
Surface			
pouce carré (po^2)	6,5	centimètre carré	(cm^2)
pied carré (pi^2)	0,09	mètre carré	(m^2)
verge carré (v^2)	0,836	mètre carré	(m^2)
mille carré	259	hectare	(ha)
acre	0,40	hectare	(ha)
Volume			
pouce cube	16	centimètre cube	(cm^3, mL, cc)
pied cube	28	décimètre cube	(dm^3)
verge cube	0,8	mètre cube	(m^3)
once liquide	28	millilitre	(mL)
chopine	0,57	litre	(L)
pinte	1,1	litre	(L)
gallon (R.-U.)	4,5	litre	(L)
gallon (É.-U.)	3,8	litre	(L)
Masse			
once	28	gramme	(g)
livre	0,45	kilogramme	(kg)
tonne courte (2000 lb)	0,9	tonne	(t)

CALCUL DES VALEURS EXPONENTIELLES

Quand on élève 0,5 à une puissance donnée, par exemple 2, cela équivaut à le multiplier deux fois par lui-même comme suit :

$$0,5 \times 0,5 = 0,25$$

Ce tableau permet de trouver rapidement la plupart des valeurs nécessaires au calcul des coefficients de consanguinité de la plupart des animaux.

Valeurs exponentielles nécessaires à la détermination des coefficients de consanguinité

Forme exponentielle	Valeur
$(0,5)^1$	0,50
$(0,5)^2$	0,25
$(0,5)^3$	0,125
$(0,5)^4$	0,062 5
$(0,5)^5$	0,031 25
$(0,5)^6$	0,015 625
$(0,5)^7$	0,007 812 5
$(0,5)^8$	0,003 906 25
$(0,5)^9$	0,001 953 125
$(0,5)^{10}$	0,000 976 562 5
$(0,5)^{11}$	0,000 488 281 25
$(0,5)^{12}$	0,000 244 140 625



CANADIAN AGRICULTURE LIBRARY
BIBLIOTHEQUE CANADIENNE DE L'AGRICULTURE
3 9073 00090948 3